

(Translation)

PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

This is to certify that the annexed is a true copy of
the following application as filed with this Office.

Date of Application: August 24, 2001
Application Number: Japanese Patent Application
No. 254018/2001
Applicant(s): Asahi Kasei Kabushiki Kaisha

January 18, 2002

Commissioner,
Patent Office

Kozo Oikawa (seal)

Certificate No. 2001-3116645



日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office

出 願 年 月 日

Date of Application:

2001年 8月24日

出 願 番 号

Application Number:

特願2001-254018

[ST.10/C]:

[JP 2001-254018]

出 願 人

Applicant(s):

旭化成株式会社

2002年 1月18日

特 許 庁 長 官
Commissioner,
Japan Patent Office

及 川 耕 造

出証番号 出証特2001-3116645

【書類名】 特許願

【整理番号】 X13-994

【提出日】 平成13年 8月24日

【あて先】 特許庁長官 殿

【国際特許分類】 C12N 15/00
C12N 15/10

【発明の名称】 新規遺伝子

【請求項の数】 33

【発明者】

 【住所又は居所】 静岡県富士市鮫島2番地の1 旭化成株式会社内

 【氏名】 松田 昭生

【発明者】

 【住所又は居所】 静岡県富士市鮫島2番地の1 旭化成株式会社内

 【氏名】 村松 周治

【発明者】

 【住所又は居所】 静岡県富士市鮫島2番地の1 旭化成株式会社内

 【氏名】 長野 由希子

【特許出願人】

 【識別番号】 000000033

 【氏名又は名称】 旭化成株式会社

【代理人】

 【識別番号】 100091096

 【弁理士】

 【氏名又は名称】 平木 祐輔

【選任した代理人】

 【識別番号】 100118773

 【弁理士】

 【氏名又は名称】 藤田 節

【選任した代理人】

【識別番号】 100077425

【弁理士】

【氏名又は名称】 大屋 憲一

【選任した代理人】

【識別番号】 100112346

【弁理士】

【氏名又は名称】 内藤 由美

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 015244

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 0007328

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 新規遺伝子

【特許請求の範囲】

【請求項1】 以下の(a)または(b)の精製されかつ単離されたタンパク質。

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ B (Nuclear factor kappa B)を活性化作用を有するタンパク質。

【請求項2】 請求項1記載のタンパク質とその全長にわたり95%以上のアミノ酸配列の同一性を有するタンパク質であり、かつNF- κ Bを活性化作用を有するタンパク質。

作用を有する精製されかつ単離されたタンパク質。

【請求項3】 以下の(a)または(b)のタンパク質をコードするヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178において1若しくは複数のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【請求項4】 以下の(a)～(c)のいずれかのポリヌクレオチド配列を含む単離されたポリヌクレオチド。

(a) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、

72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177で表されるポリヌクレオチド配列および該ポリヌクレオチド配列に相補的なポリヌクレオチド配列。

(b) (a) のポリヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列。

(c) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177において、1若しくは複数個のヌクレオチドが欠失、置換若しくは付加されたポリヌクレオチド配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列。

【請求項5】 請求項3記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも95%以上の同一性を有し、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

【請求項6】 請求項4記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも95%以上の同一性を有し、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

【請求項7】 請求項3～6のいずれか1項に記載のポリヌクレオチドによ

りコードされる精製されかつ単離されたタンパク質。

【請求項 8】 請求項 3～6 のいずれか 1 項に記載のポリヌクレオチドを含有する組換えベクター。

【請求項 9】 請求項 8 に記載の組換えベクターを含む形質転換された細胞

。 【請求項 10】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質が膜タンパク質である場合における、請求項 9 記載の細胞の膜。

【請求項 11】 (a) 請求項 3～6 のいずれか 1 項に記載の単離されたポリヌクレオチドがコードするタンパク質を発現する条件下で該ポリヌクレオチドを含有する形質転換された細胞を培養し、

(b) 培地からタンパク質を回収する、
ことを含むタンパク質の製造方法。

【請求項 12】 (a) 個体のゲノムにおける請求項 1、2 または 7 に記載のタンパク質をコードするヌクレオチド配列中の変異の存在または不存在を決定し、および／または

(b) 該個体に由来するサンプル中での該タンパク質の発現量を分析する、
ことを含む、該個体における該タンパク質の発現または活性に関連した、該個体における疾病または疾病への感受性の診断方法であって、発現するタンパク質の量が正常の 2 倍以上あるいは 1 / 2 以下の場合に病気であると診断する方法。

【請求項 13】 以下の工程を含む NF- κ B 活性化の阻害活性または促進活性について化合物をスクリーニングする方法。

(a) NF- κ B を活性化するタンパク質をコードする遺伝子、および NF- κ B の活性化に対応した、検出可能シグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程、

(b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された細胞と 1 あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程、および

(e) 該検出可能なシグナルを正常より 2 倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離もしくは同定し、および／または該検出可能なシグナルを 2 分の 1 以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離もしくは同定する工程。

【請求項 1 4】 以下の工程を含む、医薬組成物を製造する方法。

(a) NF- κ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子、および検出可能なシグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程、

(b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と 1 あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程、

(e) 該検出可能なシグナルを正常より 2 倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離もしくは同定し、および／または該検出可能なシグナルを 2 分の 1 以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離もしくは同定する工程、
および

(f) 単離または同定された化合物を医薬組成物として最適化する工程。

【請求項 1 5】 NF- κ B 活性化の阻害活性または促進活性について化合物をスクリーニングするためのキットであって、

(a) NF- κ B を活性化するタンパク質をコードする遺伝子、および NF- κ B の活性化後、検出可能なシグナルを提供しうる成分により形質転換された細胞、および

(b) 検出可能なシグナルを測定するための試薬を含むキット。

【請求項 1 6】 請求項 1、2 または 7 に記載のタンパク質に特異的に結合するモノクローナルあるいはポリクローナル抗体。

【請求項 1 7】 請求項 1、2 または 7 に記載のタンパク質を抗原あるいはエピトープ含有フラグメントとして非ヒト動物に投与することからなる、請求項 1、2 または 7 に記載のタンパク質に特異的に結合するモノクローナルまたはポリクローナル抗体の製造方法。

【請求項18】 NF- κ Bの活性化タンパク質の発現を阻害する、請求項3～6のいずれか1項に記載のポリヌクレオチドに相補的なアンチセンスオリゴヌクレオチド。

【請求項19】 請求項1、2または7記載のタンパク質をコードするRNAの開裂、またはI κ B (Inhibitory protein of NF- κ B)の分解へ導く経路のタンパク質をコードするRNAの開裂により、NF- κ Bの活性化を阻害するリボザイム。

【請求項20】 炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から選択される疾患の治療に有効な量の請求項13記載の方法でスクリーニングされた化合物および／または請求項16記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体および／または請求項18記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドおよび／または請求項19記載のリボザイムを個体に投与することを含む疾患の治療法。

【請求項21】 NF- κ Bの活性化を阻害または活性化するものとして請求項14に記載の方法により製造された医薬組成物。

【請求項22】 炎症、自己免疫疾患、癌またはウイルス性感染の治療のための請求項21記載の医薬組成物。

【請求項23】 NF- κ B活性化に関連する疾患を患っている患者に請求項14記載の方法により製造された医薬組成物を投与することからなる炎症、自己免疫疾患、癌およびウイルス性感染を治療する方法。

【請求項24】 GVHD、皮膚疾患、IgA腎炎、紫斑病性腎炎、増殖性腎炎または劇症肝炎の治療のための請求項21記載の医薬組成物。

【請求項25】 NF- κ Bの阻害に関連する疾患を患っている患者に請求項14記載の方法により製造された化合物を投与することからなるGVHD、皮膚疾患、IgA腎炎、紫斑病性腎炎、増殖性腎炎または劇症肝炎を治療する方法。

【請求項26】 請求項16記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体を有効成分として含有する医薬組成物。

【請求項27】 請求項18記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬組成物。

【請求項 28】 対象疾患が炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から選択される、請求項 26 または 27 に記載の医薬組成物。

【請求項 29】 機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、少なくとも以下の工程を含む方法。

- (a) オリゴキャッピング法を用いて完全長 cDNA ライブラリーを作製し、
 - (b) 完全長 cDNA および該機能を有するタンパク質の存在を示すシグナルを発する因子を含有するプラスミドを細胞中にコトランスフェクションし、さらに
 - (c) シグナルを発するプラスミドを選択する、
- 方法。

【請求項 30】 配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175 または 177 で表されるヌクレオチド配列のうち少なくとも 1 以上を含むデータセットおよび／または配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176 および 178 で表されるアミノ酸配列のうち少なくとも 1 以上を含むデータセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体。

【請求項31】 請求項30に記載の媒体上のデータと他のヌクレオチド配列および／または他のアミノ酸配列のデータを比較して他のポリヌクレオチド配列および／またはアミノ酸配列との同一性の算出を行う方法。

【請求項32】 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177から選択されるヌクレオチド配列の全てまたは一部を含むポリヌクレオチドが固定されている不溶性基質。

【請求項33】 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列から選択されるアミノ酸配列の全てまたは一部を含むポリペプチドが固定されている不溶性基質。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質、該タンパク質を

コードするDNA、該DNAの取得方法、該DNAを含有する組換えベクター、該組換えベクターを含有する形質転換体ならびに該タンパク質と特異的に反応する抗体に関する。また、本発明は、NF- κ Bの過剰な活性化または阻害が関与する疾患の診断、治療または予防を行う際の本発明のタンパク質、DNAまたは抗体の使用に関する。

【0002】

また本発明は、該タンパク質、DNA、組換えベクターおよび形質転換体を用いて、NF- κ Bの活性化を阻害または促進する物質をスクリーニングする方法に関する。

【0003】

【従来の技術】

転写因子NF- κ B (Nuclear factor kappa B) は、炎症や免疫反応に関与する種々の遺伝子の転写調節において重要な役割を果たしている。NF- κ Bは、Relファミリーに属するホモあるいはヘテロ二量体からなり、無刺激の状態では、制御タンパク質であるI κ B (Inhibitory protein of NF- κ B) と複合体を形成することによりその核移行シグナルが覆い隠され、細胞質内で不活性型として存在する。

【0004】

細胞にインターロイキン (IL) -1、腫瘍壊死因子 (TNF) - α などのサイトカインの刺激が与えられると、I κ BはIKK (I κ B kinase) によってリン酸化され、ユビキチン化を経て26Sプロテアソームにより分解される。これにより遊離されたNF- κ Bは核内に移行し、NF- κ B結合配列と呼ばれているDNA配列に結合し、その制御下の遺伝子の転写を誘導する。NF- κ Bによって発現調節を受けているとされている遺伝子は免疫グロブリン遺伝子の他、IL-1、TNF- α などの炎症性サイトカイン、インターフェロン、細胞接着因子等が知られており、NF- κ Bはこれらの遺伝子の発現誘導を介して、炎症や免疫応答に関わっている。

【0005】

NF- κ Bの機能あるいは活性化を阻害することによって、炎症・免疫疾患や

その他の疾病、たとえば腫瘍増殖、に關与している多くの因子（タンパク質）の発現を抑制できる可能性があり、自己免疫や炎症を原因・症状とする疾病に対する医薬の有望な標的である〔たとえば、*Clinical Chemistry* 45, 7-17 (1999)、*J. Clin. Pharmacol.* 38, 981-993 (1998)、*Gut* 43, 856-860 (1998)、*The New England Journal of Medicine* 366, 1066-1071 (1997)、*TIPS* 46-50 (1997)、*The FASEB Journal* 9, 899-909 (1995)、*Nature* 395, 225-226 (1998)、*Science* 278, 818-819 (1997)、*Cell* 91, 299-302 (1997)〕。

【0006】

細胞外からの情報は、何らかのシグナルの形に変えて、細胞膜を通過し細胞質をこえて核に到達し、標的遺伝子の発現を調節して細胞の応答が引き起こされる。そのため、細胞外の刺激からNF- κ Bの活性化に至る細胞内におけるシグナル伝達の仕組みを解明することは、自己免疫疾患や炎症症状を呈する疾患に対する新たな医薬の開発あるいは治療法の開発に非常に重要な手段を提供することとなり、極めて重要な意義を有している。

【0007】

しかしながら、細胞が一定の刺激を受けてからNF- κ Bの活性化に至るまでのシグナル伝達経路にはプロテインキナーゼなどの各種伝達分子が関わる多くのステップの存在が考えられ、従って、より効率的な創薬研究のためには、主要な役割を果たす伝達分子を明らかにした上でそれらに焦点をしばった新しい薬物スクリーニング方法を確立することが望まれる。しかし、NF- κ Bの活性化のメカニズムは上記IKK、ユビキチン化酵素、26Sプロテアソームの他、TNF receptor associated factor 2 (TRAF2) やNF- κ B inducing kinase (NIK) などの幾つかのシグナル伝達分子が同定され、少しずつ解明されつつあるものの、いまだ不明な点が多く、新たなシグナル伝達分子の同定とより進んだNF- κ B活性化メカニズムの解明が望まれていた。

【0008】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の課題は、上記のように有用なNF- κ Bを活性化する作用を有する新規な遺伝子、タンパク質を見出し、これを医薬、診断薬、医療の分野で利用する方法を提供することにある。即ち、NF- κ Bを活性化する作用を有する新規タンパク質、該タンパク質をコードするDNA、該DNAを含有する組換えベクター、該組換えベクターを含有する形質転換体、該タンパク質の製造方法、該タンパク質またはその部分ペプチドに対する抗体、該抗体の製造方法を提供する。

【0009】

また、本発明は、該タンパク質、DNA、組換えベクターおよび形質転換体を用いて、NF- κ Bの活性化を阻害または促進する物質をスクリーニングする方法、該スクリーニング用キット、該スクリーニング方法もしくはスクリーニング用キットを用いて得られるNF- κ Bの活性化を阻害または促進する物質、該物質の製造方法、NF- κ Bの活性化を阻害または促進する物質を含有している医薬などを提供する。

【0010】

【課題を解決するための手段】

近年、生体内で発現している遺伝子を解析する手段として、cDNAの配列をランダムに解析する研究が活発に行われており、このようにして得られたcDNAの断片配列がEST (Expressed Sequence Tag、たとえば<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST>) として、データベースに登録され公開されている。しかし、ESTは配列情報のみであり、その機能を推定することは困難である。また、ESTはUniGene (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/UniGene>) により整備され、これまでに約92000クラスターに登録されている。しかし、その多くは5'端ヌクレオチド配列を欠損しており、タンパク質翻訳開始部位を含まない。そのため、mRNAのコード領域の決定を前提とするタンパク質の機能解析、プロモーターの解析による遺伝子発現制御の理解といった遺伝子機能の解析に直結しているとは言いがたい。

【0011】

一方、遺伝子の産物、すなわちタンパク質の機能を解明する方法の一つに、動物細胞を用いた一過性発現クローニング法がある（たとえば、実験医学別冊 遺伝子工学ハンドブック）。この方法は、動物細胞発現ベクターを用いて作製した cDNA ライブラリーを、動物細胞にトランスフェクションすることで機能的なタンパク質を直接発現させ、このタンパク質が細胞に及ぼす生物活性を指標として cDNA を同定、クローニングする方法である。この方法では、目的とするタンパク質産物に関する化学的情報（アミノ酸配列や分子量）をあらかじめ必要とせず、細胞内や培養液中に発現しているタンパク質の特異的生物活性を検出して cDNA クローンの同定を行うことができる。

【0012】

この発現クローニングを効率良く行なうためには、cDNA ライブラリーの作製方法を工夫する必要がある。なぜなら、従来より汎用されている cDNA ライブラリー作製方法には幾つかの方法があるが（たとえば Gubbler-Hoffman の方法：Gene 25（1983）オカヤマーバーグの方法：Mol. Cell. Biol. 2（1982））、これらの方法によって作製された cDNA は、そのほとんどが 5' 末端ヌクレオチド配列を欠損したものであり、完全長（mRNA の全ヌクレオチド配列を含む）であることは稀であるからである。その理由は、mRNA から cDNA を作るのに使用する逆転写酵素が、完全長の cDNA を作る効率が必ずしも高くないからである。

【0013】

さらに、遺伝子の機能解析を試みるに際しては、完全長 cDNA をクローニングし、そこからタンパク質を発現させることが必須の要件である。従って、全体のクローンの中で、完全長のものの割合が高いライブラリーを作製することが、発現クローニングを効率良く行なうために必要であった。

【0014】

本発明者らは、上記課題を解決するために鋭意研究を重ねた結果、オリゴキャッピング法を用いて完全長 cDNA ライブラリーを作製し、293EBNA 細胞を用いたアッセイ系を完成し、該アッセイ系により NF- κ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードする新規 DNA（cDNA）を単離することに成功

した。この新規DNAは、293EBNA細胞内で発現させることによりNF- κ Bの活性化を誘発した。この結果は、この新規DNAがNF- κ Bの活性化に関与するシグナル伝達分子であることを示しており、本発明を完成するに至った。

【0015】

すなわち、本発明は

(1) 以下の(a)または(b)の精製され、かつ単離されたタンパク質。

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【0016】

(2) 上記(1)記載のタンパク質とその全長にわたり少なくとも95%のアミノ酸配列の同一性を有するタンパク質であり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有する、精製されかつ単離されたタンパク質。

【0017】

(3) 以下の(a)または(b)のタンパク質をコードするヌクレオチド配列を包含する、単離されたポリヌクレオチド。

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【0018】

(4) 以下の(a)～(c)のいずれかのポリヌクレオチド配列を含む単離さ

れたポリヌクレオチド。

(a) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177で表されるポリヌクレオチド配列および該ポリヌクレオチド配列に相補的なポリヌクレオチド配列。

(b) (a) のポリヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列。

(c) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177において、1若しくは複数個のヌクレオチド配列が欠失、置換若しくは付加されたポリヌクレオチド配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列。

【0019】

(5) 上記(3)記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも95%以上の同一性を有し、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコー

ドするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

(6) 上記(4)記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも95%以上の同一性を有し、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

(7) 上記(3)～(6)のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドによりコードされる精製されかつ単離されたタンパク質。

(8) 上記(3)～(6)のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドを含有する組換えベクター。

(9) 上記(8)に記載の組換えベクターを含む形質転換された細胞。

(10) 上記(1)または(2)に記載のタンパク質が膜タンパク質である場合における、上記(9)記載の細胞の膜。

【0020】

(11) (a) 上記(3)～(6)のいずれか1つに記載の単離されたポリヌクレオチドがコードするタンパク質を発現する条件下で該ポリヌクレオチドを含有する形質転換された細胞を培養し、

(b) 培地からタンパク質を回収する、
ことを含む、タンパク質の製造方法。

【0021】

(12) (a) 個体のゲノムにおける上記(1)、(2)または(7)に記載のタンパク質をコードするヌクレオチド配列中の変異の存在または不存在を決定し、および/または

(b) 該個体に由来するサンプル中での該タンパク質の発現量を分析する、
ことを含む該個体における該タンパク質の発現または活性に関連した、該個体における疾病または疾病への感受性の診断方法であって、発現するタンパク質の量が正常の2倍以上の場合あるいは1/2以下の場合に病気であると診断する方法。

【0022】

(13) 以下の工程を含むNF- κ B活性化の阻害活性または促進活性について化合物をスクリーニングする方法。

(a) NF- κ B を活性化するタンパク質をコードする遺伝子および NF- κ B の活性化に対応した、検出可能シグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程

(b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された細胞と 1 あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程、および

(e) 該検出可能なシグナルを正常より 2 倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離もしくは同定し、および／または該検出可能なシグナルを 2 分の 1 以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離もしくは同定する工程。

【0023】

(14) 以下の工程を含む、医薬組成物を製造する方法。

(a) NF- κ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子、および検出可能なシグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程、

(b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と 1 あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程、

(e) 該検出可能なシグナルを正常より 2 倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離もしくは同定し、および／または該検出可能なシグナルを 2 分の 1 以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離もしくは同定する工程、および

(f) 単離または同定された化合物を医薬組成物として最適化する工程。

【0024】

(15) NF- κ B 活性化の阻害活性または促進活性について化合物をスクリーニングするためのキットであって、

(a) NF- κ B を活性化するタンパク質をコードする遺伝子、および NF- κ

Bの活性化後、検出可能なシグナルを提供しうる成分により形質転換された細胞、および

(b) 検出可能なシグナルを測定するための試薬を含むキット。

【0025】

(16) 上記(1)、(2)または(7)に記載のタンパク質に特異的に結合するモノクローナルあるいはポリクローナル抗体。

(17) 上記(1)、(2)または(7)に記載のタンパク質を抗原あるいはエピトープ含有フラグメントとして非ヒト動物に投与することからなる、上記(1)、(2)または(7)に記載のタンパク質に特異的に結合するモノクローナルまたはポリクローナル抗体の製造方法。

(18) NF- κ Bの活性化タンパク質の発現を阻害する、上記(3)～(6)のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドに相補的なアンチセンスオリゴヌクレオチド。

(19) 上記(1)、(2)または(7)に記載のタンパク質をコードするRNAの開裂、またはI κ Bの分解へ導く経路のタンパク質をコードするRNAの開裂により、NF- κ Bの活性化を阻害するリボザイム。

【0026】

(20) 炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から選択される疾患の治療に有効な量の上記(13)記載の方法でスクリーニングされた化合物および/または上記(16)記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体および/または上記(18)記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドおよび/または上記(19)記載のリボザイムを個体に投与することを含む疾患の治療法。

(21) NF- κ Bの活性化を阻害または活性化するものとして上記(14)に記載の方法により製造された医薬組成物。

(22) 炎症、自己免疫疾患、癌およびウイルス性感染の治療のための上記(21)記載の医薬組成物。

(23) NF- κ B活性化を患っている患者に上記(14)記載の方法により製造された医薬組成物を投与することからなる炎症、自己免疫疾患、癌およびウ

ウイルス性感染を治療する方法。

(24) GVHD、Toxic epidermal necrolysis (TEN) などの皮膚疾患、IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎などの増殖性腎炎および劇症肝炎の治療のための上記(21)記載の医薬組成物。

【0027】

(25) NF- κ Bの阻害を患っている患者に上記(14)記載の方法により製造された医薬組成物を投与することからなるGVHD、Toxic epidermal necrolysis (TEN) などの皮膚疾患、IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎などの増殖性腎炎および劇症肝炎を治療する方法。

(26) 上記(16)記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体を有効成分として含有する医薬組成物。

(27) 上記(18)記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬組成物。

(28) 対象疾患が炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から選択される、上記(26)または(27)に記載の医薬組成物。

【0028】

(29) 機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、少なくとも以下の工程を含む方法。

(a) オリゴキャッピング法を用いて完全長cDNAライブラリーを作製し、

(b) 完全長cDNAおよび該機能を有するタンパク質の存在を示すシグナルを発する因子を含有するプラスミドを細胞中にコトランスフェクションし、さらに

(c) シグナルを発するプラスミドを選択する。

【0029】

(30) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、

132、134、136、138、140、142、144、146、148、
 150、151、153、155、157、159、161、163、165、
 167、169、171、173、175および177で表されるヌクレオチド
 配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットおよび／または配列番号1、3
 、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29
 、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53
 、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77
 、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、10
 1、103、105、107、109、111、113、115、117、11
 9、121、123、125、127、129、131、133、135、13
 7、139、141、143、145、147、149、152、154、15
 6、158、160、162、164、166、168、170、172、17
 4、176および178で表されるアミノ酸配列のうち少なくとも1以上を含む
 データセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体。

【0030】

(31) 上記(30)に記載の媒体上のデータと他のヌクレオチド配列および／
 または他のアミノ酸配列のデータを比較して他のポリヌクレオチド配列および／
 またはアミノ酸配列との同一性の算出を行う方法。

【0031】

(32) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、2
 2、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、4
 6、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、7
 0、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、9
 4、96、98、100、102、104、106、108、110、112、
 114、116、118、120、122、124、126、128、130、
 132、134、136、138、140、142、144、146、148、
 150、151、153、155、157、159、161、163、165、
 167、169、171、173、175または177から選択されるヌクレオ
 チド配列の全てまたは一部を含むポリヌクレオチドが固定されている不溶性基質

【0032】

(33) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列から選択されるアミノ酸配列の全てまたは一部を含むポリペプチドが固定されている不溶性基質。

【0033】

まず、本発明の基本的特徴を更に明らかにするために、本発明の完成に至る経緯を追いながら、本発明について説明する。NF- κ Bを活性化する作用を有する新規遺伝子を取得する目的で、実施例に示すように、以下の実験を実行した。

まずヒト正常肺線維芽細胞（三光純薬株式会社より購入）より調製したmRNAより、オリゴキャッピング法によって完全長cDNAを作製し、該cDNAをベクターpME18S-FL3（GenBank Accession AB009864）に組み込んだ完全長cDNAライブラリーを作製した。次に、該cDNAライブラリーを大腸菌に導入し、1クローンずつプラスミドを調製した。次に、293-EBNA細胞（インビトロジェン社）に、ルシフェラーゼをコードするDNAを含有するpNF κ B-Lucレポータープラスミド（STRATAGENE社）と上記の完全長cDNAプラスミドとを共導入した。そして、24時間あるいは48時間培養後、ルシフェラーゼ活性を測定し、ルシフェラーゼ活性が対照実験（完全長cDNAの代わりに、ベクターpME18S-FL3を入れた細胞）と比べて有意に上昇している（対照実験と比べてルシフェラーゼ活性が10倍以上の値を示した）プラスミドを選抜し、該プラスミドにクローニングされているcDNAの全ヌクレ

オチド配列を決定した。このようにして得られた cDNA によりコードされるタンパク質は、該タンパク質が NF- κ B の活性化に参与するシグナル伝達分子であることを示している。

次に、以下に本発明について詳細に説明する。

【0034】

配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176 または 178 のアミノ酸配列に関連して、本発明は、以下のタンパク質を提供する。

(a) 上記アミノ酸配列を含むタンパク質。

(b) 上記アミノ酸配列の 1 つを有するペプチド。

(c) NF- κ B を活性化し、かつ上記アミノ酸配列において、1 以上のアミノ酸の削除、置換または付加を有するタンパク質。

(d) その全長にわたり配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176 または 178 のアミノ酸配列に少なくとも 95%、好ましくは 97~99% の同一性を有するアミノ酸配列を

含むタンパク質。

【0035】

“同一性”とは、当該技術で知られているとおり、配列を比較することにより決定される、2以上のタンパク質あるいは2以上のポリヌクレオチドの間の関係である。当該技術で“同一性”とは、タンパク質またはポリヌクレオチド配列の間の適合によって、あるいは場合によっては、一続きのそのような配列間の適合によって決定されるような、タンパク質またはポリヌクレオチド配列の間の配列相関性の程度を意味する。“同一性”および“類似性”は、既知の方法により容易に決定できる。同一性を決定する好ましい方法は、試験する配列間で最も長く適合するように設計される。同一性および類似性を決定するための方法は、公に利用可能なプログラムにコードされている。相同性決定には、Altschulらによる BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) プログラム (たとえば、Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ., J. Mol. Biol., 215: p403-410 (1990), Altschyl SF, Madden TL, Schaffer AA, Zhang J, Miller W, Lipman DJ., Nucleic Acids Res. 25: p3389-3402 (1997)) を利用し決定することができ

【0036】

上記した配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178に記載されたアミノ酸配列からなるタンパク質がNF- κ Bを活性化する作用を有することは、本願明細書実施例に記載の通りである。

【0037】

配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177のポリヌクレオチドに関連して、

本発明は、また以下の単離されたポリヌクレオチドを提供する。

(a) 上記配列に少なくとも95%、好ましくは97-99%の同一性を有するヌクレオチド配列を含むポリヌクレオチド。

(b) 上記配列のポリヌクレオチド。

(c) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178のアミノ酸配列に少なくとも95%、好ましくは97-99%の同一性を有するアミノ酸配列を有するタンパク質をコードするヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチド。

【0038】

上記ヌクレオチド配列に含まれるヌクレオチド配列に同一またはほとんど同一なポリヌクレオチドは、本発明のタンパク質をコードする全長cDNA及びゲノムクローンまたは上記配列に対応する相同性の高い他の遺伝子のcDNAまたはゲノムクローンを単離するためのハイブリダイゼーションプローブとして、また

は核酸増幅反応のためのプライマーとして使用してもよい。代表的には、これらのヌクレオチド配列は、上記配列に70%同一であり、好ましくは、80%同一であり、より好ましくは90%同一であり、最も好ましくは、95%同一である。プローブまたはプライマーは、一般的には少なくとも15ヌクレオチドを含有し、好ましくは30ヌクレオチドを含有し、50ヌクレオチドを含有してもよい。特に好ましいプローブは、30~50ヌクレオチドを有する。特に好ましいプライマーは、20~25ヌクレオチドを有する。

【0039】

本発明のポリヌクレオチドは、DNAの形態(たとえば、cDNAおよびクローニングによって得られるか、あるいは合成的に生成されるゲノムDNAを含む)であってもよく、RNA(たとえばmRNA)の形態であってもよい。該ポリヌクレオチドは、二本鎖であっても、一本鎖であってもよい。二本鎖の場合は、二本鎖DNA、二本鎖RNAまたはDNA:RNAのハイブリッドであってもよい。一本鎖の場合は、センス鎖(コード鎖としても知られる)であっても、アンチセンス鎖(非コード鎖としても知られる)であってもよい。

【0040】

当業者であれば、公知の方法を用いてこのタンパク質中のアミノ酸の置換などを適宜行い、配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質と同様にNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質を作製することが可能である。一つの方法としては、該タンパク質をコードするDNAに対して、慣用の突然変異誘発法を使用する方法がある。別の方法としてはたとえば

部位特異的変異法（たとえば宝酒造株式会社のMut an-Sup er Exp r e s s Km キット）が挙げられる。また、タンパク質のアミノ酸の変異は自然界においても生じうる。このようにアミノ酸の欠失、置換、付加により配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178のタンパク質に対してアミノ酸配列が変異した変異体であって、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質及び該タンパク質をコードするDNAも本発明に含まれる。変異の数は、好ましくは10まで、より好ましくは5まで、最も好ましくは3までが好ましい。

【0041】

アミノ酸置換の例としては、保存的置換が好ましく、具体的には以下のグループ内での置換が挙げられる。（グリシン、アラニン）（バリン、イソロイシン、ロイシン）（アスパラギン酸、グルタミン酸）（アスパラギン、グルタミン）（セリン、トレオニン）（リジン、アルギニン）（フェニルアラニン、チロシン）。

【0042】

当業者であれば、ハイブリダイゼーション技術などを用いて配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137

、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするDNA（たとえば配列番号2）またはその一部を基に、これと類似性の高いDNAを単離して、該DNAから配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質と同様にNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質を得ることも通常行い得ることである。このように上記した配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列のタンパク質と高い同一性を有するタンパク質であって、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質も本発明のタンパク質に含まれる。高い同一性とは、上記配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、

81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178であらわされるアミノ酸配列の全長にわたり少なくとも90%、好ましくは、少なくとも97-99%の同一性を有するアミノ酸配列を示す。

【0043】

本発明のタンパク質としては、ヒトや哺乳動物のあらゆる細胞や組織に由来する天然のタンパク質でもよく、化学合成タンパク質であってもよく、また遺伝子組換え技術によって得られたタンパク質でもよい。タンパク質は糖鎖やリン酸化などの翻訳後修飾は受けていても受けていなくても良い。

【0044】

本発明は、上記で示される本発明のタンパク質をコードするポリヌクレオチドである。上記の配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするヌクレオチド配列としてより具体的には、たとえば配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114

、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177で表されるヌクレオチド配列が挙げられる。DNAはcDNAのほか、ゲノムDNA、化学合成DNAも含まれる。遺伝暗号の縮重に従い、遺伝子から生産されるタンパク質のアミノ酸配列を変えることなく配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするヌクレオチド配列の少なくとも1つのヌクレオチドを他の種類のヌクレオチドに置換することができる。従って、本発明のDNAはまた、遺伝暗号の縮重に基づく置換によって変換されたヌクレオチド配列も含有する。このようなDNAは、公知の方法により合成することができる。

【0045】

本発明のDNAは、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177で表されるヌ

クレオチド配列からなるDNAとストリンジントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするDNAも含まれる。ストリンジントな条件とは、当業者には十分理解できることであり、たとえば、T. Maniatisらの実験操作書(Molecular Cloning A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory 1982、1989)に従えば容易に実施できる。

【0046】

すなわち、ストリンジントな条件とは、30%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中(5×SSC(0.75MのNaCl、75mMのクエン酸三ナトリウム)、5×デンハルト溶液、0.5%SDS、100 μ g/mlの変性せん断サケ精子DNA)で37℃のインキュベーションを一晩行い、その後2×SSC、0.1%SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで1×SSC、0.1%SDS中、37℃で10分の洗浄を2回行う条件である(低ストリンジエンシー)。より好ましい条件は、40%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中で42℃のインキュベーションを一晩行い、その後2×SSC、0.1%SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで0.2×SSC、1%SDS中、42℃で10分の洗浄を2回行う条件である(中ストリンジエンシー)。最も好ましい条件は、50%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中で42℃のインキュベーションを一晩行い、その後2×SSC、0.1%SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで0.2×SSC、0.1%SDS中、50℃で10分の洗浄を2回行う条件である(高ストリンジエンシー)。この際、得られたDNAは、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードすることが必須である。

【0047】

本発明は、上記(3)あるいは(4)のポリヌクレオチドのヌクレオチド配列と高い類似性を有し、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするヌクレオチドを含むポリヌクレオチドを含む。代表的には、これらのヌクレオチド配列は、上記(3)または(4)のポリヌクレオチドのヌクレオチド配列

の全長にわたり 9 5 % 同一であり、より好ましくは 9 7 % 同一であり、最も好ましくは少なくとも 9 9 % 同一である。

【 0 0 4 8 】

上記の本発明の DNA は、前述のタンパク質を、組換え DNA 技術を用いて製造するのに用いることができる。本発明の DNA 及びペプチドは、概略以下のようにして得ることができる。

(A) 本発明のタンパク質をコードする DNA をクローニングする。

(B) タンパク質の全コード領域あるいはその一部をコードする DNA を発現用ベクターに組み込んで、組換えベクターを構築する。

(C) 構築した組換えベクターにより、宿主細胞を形質転換する。

(D) 得られた細胞を培養し、該タンパク質、またはその類縁体を発現させ、カラムクロマトグラフィーにより精製する。

【 0 0 4 9 】

上記の工程中で DNA、組換え体宿主としての大腸菌等の取り扱いに必要な一般的な操作は、当業者間で通常行われているものであり、たとえば、上記 T. Maniatis らの実験操作書に従えば容易に実施できる。使用する酵素、試薬類も全て市販の製品を用いることができ、特に断らない限り、製品で指定されている使用条件に従えば、完全にそれらの目的を達成することができる。以下に上記 (A) ~ (D) の工程について更に詳しく説明する。

【 0 0 5 0 】

上記 (A) における本発明のタンパク質をコードする DNA のクローニングの手段としては、本願明細書実施例に記載した方法の他に、本発明のヌクレオチド配列（たとえば配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176、178、180、182、184、186、188、190、192、194、196、198、200、202、204、206、208、210、212、214、216、218、220、222、224、226、228、230、232、234、236、238、240、242、244、246、248、250、252、254、256、258、260、262、264、266、268、270、272、274、276、278、280、282、284、286、288、290、292、294、296、298、300、302、304、306、308、310、312、314、316、318、320、322、324、326、328、330、332、334、336、338、340、342、344、346、348、350、352、354、356、358、360、362、364、366、368、370、372、374、376、378、380、382、384、386、388、390、392、394、396、398、400、402、404、406、408、410、412、414、416、418、420、422、424、426、428、430、432、434、436、438、440、442、444、446、448、450、452、454、456、458、460、462、464、466、468、470、472、474、476、478、480、482、484、486、488、490、492、494、496、498、500、502、504、506、508、510、512、514、516、518、520、522、524、526、528、530、532、534、536、538、540、542、544、546、548、550、552、554、556、558、560、562、564、566、568、570、572、574、576、578、580、582、584、586、588、590、592、594、596、598、600、602、604、606、608、610、612、614、616、618、620、622、624、626、628、630、632、634、636、638、640、642、644、646、648、650、652、654、656、658、660、662、664、666、668、670、672、674、676、678、680、682、684、686、688、690、692、694、696、698、700、702、704、706、708、710、712、714、716、718、720、722、724、726、728、730、732、734、736、738、740、742、744、746、748、750、752、754、756、758、760、762、764、766、768、770、772、774、776、778、780、782、784、786、788、790、792、794、796、798、800、802、804、806、808、810、812、814、816、818、820、822、824、826、828、830、832、834、836、838、840、842、844、846、848、850、852、854、856、858、860、862、864、866、868、870、872、874、876、878、880、882、884、886、888、890、892、894、896、898、900、902、904、906、908、910、912、914、916、918、920、922、924、926、928、930、932、934、936、938、940、942、944、946、948、950、952、954、956、958、960、962、964、966、968、970、972、974、976、978、980、982、984、986、988、990、992、994、996、998、1000、1002、1004、1006、1008、1010、1012、1014、1016、1018、1020、1022、1024、1026、1028、1030、1032、1034、1036、1038、1040、1042、1044、1046、1048、1050、1052、1054、1056、1058、1060、1062、1064、1066、1068、1070、1072、1074、1076、1078、1080、1082、1084、1086、1088、1090、1092、1094、1096、1098、1100、1102、1104、1106、1108、1110、1112、1114、1116、1118、1120、1122、1124、1126、1128、1130、1132、1134、1136、1138、1140、1142、1144、1146、1148、1150、1152、1154、1156、1158、1160、1162、1164、1166、1168、1170、1172、1174、1176、1178、1180、1182、1184、1186、1188、1190、1192、1194、1196、1198、1200、1202、1204、1206、1208、1210、1212、1214、1216、1218、1220、1222、1224、1226、1228、1230、1232、1234、1236、1238、1240、1242、1244、1246、1248、1250、1252、1254、1256、1258、1260、1262、1264、1266、1268、1270、1272、1274、1276、1278、1280、1282、1284、1286、1288、1290、1292、1294、1296、1298、1300、1302、1304、1306、1308、1310、1312、1314、1316、1318、1320、1322、1324、1326、1328、1330、1332、1334、1336、1338、1340、1342、1344、1346、1348、1350、1352、1354、1356、1358、1360、1362、1364、1366、1368、1370、1372、1374、1376、1378、1380、1382、1384、1386、1388、1390、1392、1394、1396、1398、1400、1402、1404、1406、1408、1410、1412、1414、1416、1418、1420、1422、1424、1426、1428、1430、1432、1434、1436、1438、1440、1442、1444、1446、1448、1450、1452、1454、1456、1458、1460、1462、1464、1466、1468、1470、1472、1474、1476、1478、1480、1482、1484、1486、1488、1490、1492、1494、1496、1498、1500、1502、1504、1506、1508、1510、1512、1514、1516、1518、1520、1522、1524、1526、1528、1530、1532、1534、1536、1538、1540、1542、1544、1546、1548、1550、1552、1554、1556、1558、1560、1562、1564、1566、1568、1570、1572、1574、1576、1578、1580、1582、1584、1586、1588、1590、1592、1594、1596、1598、1600、1602、1604、1606、1608、1610、1612、1614、1616、1618、1620、1622、1624、1626、1628、1630、1632、1634、1636、1638、1640、1642、1644、1646、1648、1650、1652、1654、1656、1658、1660、1662、1664、1666、1668、1670、1672、1674、1676、1678、1680、1682、1684、1686、1688、1690、1692、1694、1696、1698、1700、1702、1704、1706、1708、1710、1712、1714、1716、1718、1720、1722、1724、1726、1728、1730、1732、1734、1736、1738、1740、1742、1744、1746、1748、1750、1752、1754、1756、1758、1760、1762、1764、1766、1768、1770、1772、1774、1776、1778、1780、1782、1784、1786、1788、1790、1792、1794、1796、1798、1800、1802、1804、1806、1808、1810、1812、1814、1816、1818、1820、1822、1824、1826、1828、1830、1832、1834、1836、1838、1840、1842、1844、1846、1848、1850、1852、1854、1856、1858、1860、1862、1864、1866、1868、1870、1872、1874、1876、1878、1880、1882、1884、1886、1888、1890、1892、1894、1896、1898、1900、1902、1904、1906、1908、1910、1912、1914、1916、1918、1920、1922、1924、1926、1928、1930、1932、1934、1936、1938、1940、1942、1944、1946、1948、1950、1952、1954、1956、1958、1960、1962、1964、1966、1968、1970、1972、1974、1976、1978、1980、1982、1984、1986、1988、1990、1992、1994、1996、1998、2000、2002、2004、2006、2008、2010、2012、2014、2016、2018、2020、2022、2024、2026、2028、2030、2032、2034、2036、2038、2040、2042、2044、2046、2048、2050、2052、2054、2056、2058、2060、2062、2064、2066、2068、2070、2072、2074、2076、2078、2080、2082、2084、2086、2088、2090、2092、2094、2096、2098、2100、2102、2104、2106、2108、2110、2112、2114、2116、2118、2120、2122、2124、2126、2128、2130、2132、2134、2136、2138、2140、2142、2144、2146、2148、2150、2152、2154、2156、2158、2160、2162、2164、2166、2168、2170、2172、2174、2176、2178、2180、2182、2184、2186、2188、2190、2192、2194、2196、2198、2200、2202、2204、2206、2208、2210、2212、2214、2216、2218、2220、2222、2224、2226、2228、2230、2232、2234、2236、2238、2240、2242、2244、2246、2248、2250、2252、2254、2256、2258、2260、2262、2264、2266、2268、2270、2272、2274、2276、2278、2280、2282、2284、2286、2288、2290、2292、2294、2296、2298、2300、2302、2304、2306、2308、2310、2312、2314、2316、2318、2320、2322、2324、2326、2328、2330、2332、2334、2336、2338、2340、2342、2344、2346、2348、2350、2352、2354、2356、2358、2360、2362、2364、2366、2368、2370、2372、2374、2376、2378、2380、2382、2384、2386、2388、2390、2392、2394、2396、2398、2400、2402、2404、2406、2408、2410、2412、2414、2416、2418、2420、2422、2424、2426、2428、2430、2432、2434、2436、2438、2440、2442、2444、2446、2448、2450、2452、2454、2456、2458、2460、2462、2464、2466、2468、2470、2472、2474、2476、2478、2480、2482、2484、2486、2488、2490、2492、2494、2496、2498、2500、2502、2504、2506、2508、2510、2512、2514、2516、2518、2520、2522、2524、2526、2528、2530、2532、2534、2536、2538、2540、2542、2544、2546、2548、2550、2552、2554、2556、2558、2560、2562、2564、2566、2568、2570、2572、2574、2576、2578、2580、2582、2584、2586、2588、2590、2592、2594、2596、2598、2600、2602、2604、2606、2608、2610、2612、2614、2616、2618、2620、2622、2624、2626、2628、2630、2632、2634、2636、2638、2640、2642、2644、2646、2648、2650、2652、2654、2656、2658、2660、2662、2664、2666、2668、2670、2672、2674、2676、2678、2680、2682、2684、2686、2688、2690、2692、2694、2696、2698、2700、2702、2704、2706、2708、2710、2712、2714、2716、2718、2720、2722、2724、2726、2728、2730、2732、2734、2736、2738、2740、2742、2744、2746、2748、2750、2752、2754、2756、2758、2760、2762、2764、2766、2768、2770、2772、2774、2776、2778、2780、2782、2784、2786、2788、2790、2792、2794、2796、2798、2800、2802、2804、2806、2808、2810、2812、2814、2816、2818、2820、2822、2824、2826、2828、2830、2832、2834、2836、2838、2840、2842、2844、2846、2848、2850、2852、2854、2856、2858、2860、2862、2864、2866、2868、2870、2872、2874、2876、2878、2880、2882、2884、2886、2888、2890、2892、2894、2896、2898、2900、2902、2904、2906、2908、2910、2912、2914、2916、2918、2920、2922、2924、2926、2928、2930、2932、2934、2936、2938、2940、2942、2944、2946、2948、2950、2952、2954、2956、2958、2960、2962、2964、2966、2968、2970、2972、2974、2976、2978、2980、2982、2984、2986、2988、2990、2992、2994、2996、2998、3000、3002、3004、3006、3008、3010、3012、3014、3016、3018、3020、3022、3024、3026、3028、3030、3032、3034、3036、3038、3040、3042、3044、3046、3048、3050、3052、3054、3056、3058、3060、3062、3064、3066、3068、3070、3072、3074、3076、3078、3080、3082、3084、3086、3088、3090、3092、3094、3096、3098、3100、3102、3104、3106、3108、3110、3112、3114、3116、3118、3120、3122、3124、3126、3128、3130、3132、3134、3136、3138、3140、3142、3144、3146、3148、3150、3152、3154、3156、3158、3160、3162、3164、3166、3168、3170、3172、3174、3176、3178、3180、3182、3184、3186、3188、3190、3192、3194、3196、3198、3200、3202、3204、3206、3208、3210、3212、3214、3216、3218、3220、3222、3224、3226、3228、3230、3232、3234、3236、3238、3240、3242、3244、3246、3248、3250、3252、3254、3256、3258、3260、3262、3264、3266、3268、3270、3272、3274、3276、3278、3280、3282、3284、3286、3288、3290、3292、3294、3296、3298、3300、3302、3304、3306、3308、3310、3312、3314、3316、3318、3320、3322、3324、3326、3328、3330、3332、3334、3336、3338、3340、3342、3344、3346、3348、3350、3352、3354、3356、3358、3360、3362、3364、3366、3368、3370、3372、3374、3376、3378、3380、3382、3384、3386、3388、3390、3392、3394、3396、3398、3400、3402、3404、3406、3408、3410、3412、3414、3416、3418、3420、3422、3424、3426、3428、3430、3432、3434、3436、3438、3440、3442、3444、3446、3448、3450、3452、3454、3456、3458、3460、3462、3464、3466、3468、3470、3472、3474、3476、3478、3480、3482、3484、3486、3488、3490、3492、3494、3496、3498、3500、3502、3504、3506、3508、3510、3512、3514、3516、3518、3520、3522、3524、3526、3528、3530、3532、3534、3536、3538、3540、3542、3544、3546、3548、3550、3552、3554、3556、3558、3560、3562、3564、3566、3568、3570、3572、3574、3576、3578、3580、3582、3584、3586、3588、3590、3592、3594、3596、3598、3600、3602、3604、3606、3608、3610、3612、3614、3616、3618、3620、3622、3624、3626、3628、3630、3632、3634、3636、3638、3640、3642、3644、3646、3648、3650、3652、3654、3656、3658、3660、3662、3664、3666、3668、3670、3672、3674、3676、3678、3680、3682、3684、3686、3688、3690、3692、3694、3696、3698、3700、3702、3704、3706、3708、3710、3712、3714、3716、3718、3720、3722、3724、3726、3728、3730、3732、3734、3736、3738、3740、3742、3744、3746、3748、3750、3752、3754、3756、3758、3760、3762、3764、3766、3768、3770、3772、3774、3776、3778、3780、3782、3784、3786、3788、3790、3792、3794、3796、3798、3800、3802、3804、3806、3808、3810、3812、3814、3816、3818、3820、3822、3824、3826、3828、3830、3832、3834、3836、3838、3840、3842、3844、3846、3848、3850、3852、3854、3856、3858、3860、3862、3864、3866、3868、3870、3872、3874、3876、3878、3880、3882、3884、3886、3888、3890、3892、3894、3896、3898、3900、3902、3904、3906、3908、3910、3912、3914、3916、3918、3920、3922、3924、3926、3928、3930、3932、3934、3936、3938、3940、3942、3944、3946、3948、3950、3952、3954、3956、3958、3960、3962、3964、3966、3968、3970、3972、3974、3976、3978、3980、3982、3984、3986、3988、3990、3992、3994、3996、3998、4000、4002、4004、4006、4008、4010、4012、4014、4016、4018、4020、4022、4024、4026、4028、4030、4032、4034、4036、4038、4040、4042、4044、4046、4048、4050、4052、4054、4056、4058、4060、4062、4064、4066、4068、4070、4072、4074、4076、4078、4080、4082、4084、4086、4088、4090、4092、4094、4096、4098、4100、4102、4104、4106、4108、4110、4112、4114、4116、4118、4120、4122、4124、4126、4128、4130、4132、4134、4136、4138、4140、4142、4144、4146、4148、4150、4152、4154、4156、4158、4160、4162、4164、4166、4168、4170、4172、4174、4176、4178、4180、4182、4184、4186、4188、4190、4192、4194、4196、4198、4200、4202、4204、4206、4208、4210、4212、4214、4216、4218、4220、4222、4224、4226、4228、4230、4232、4234、4236、4238、4240、4242、4244、4246、4248、4250、4252、4254、4256、4258、4260、4262、4264、4266、4268、4270、4272、4274、4276、4278、4280、4282、4284、4286、4288、4290、4292、4294、4296、4298、4300、4302、4304、4306、4308、4310、4312、4314、4316、4318、4320、4322、4324、4326、4328、4330、4332、4334、4336、4338、4340、4342、4344、4346、4348、4350、4352、4354、4356、4358、4360、4362、4364、4366、4368、4370、4372、4374、4376、4378、4380、4382、4384、4386、4388、4390、4392、4394、4396、4398、4400、4402、4404、4406、4408、4410、4412、4414、4416、4418、4420、4422、4424、4426、4428、4430、4432、4434、4436、4438、4440、4442、4444、4446、4448、4450、4452、4454、4456、4458、4460、4462、4464、4466、4468、4470、4472、4474、4476、4478、4480、4482、4484、4486、4488、4490、4492、4494、4496、4498、4500、4502、4504、4506、4508、4510、4512、4514、4516、4518、4520、4522、4524、4526、4528、4530、4532、4534、4536、4538、4540、4542、4544、4546、4548、4550、4552、4554、4556、4558、4560、4562、4564、4566、4568、4570、4572、4574、4576、4578、4580、4582、4584、4586、4588、4590、4592、4594、4596、4598、4600、4602、4604、4606、4608、4610、4612、4614、4616、4618、4620、4622、4624、4626、4628、4630、4632、4634、4636、4638、4640、4642、4644、4646、4648、4650、4652、4654、4656、4658、4660、4662、4664、4666、4668、4670、4672、4674、4676、4678、4680、4682、4684、4686、4688、4690、4692、4694、4696、4698、4700、4702、4704、4706、4708、4710、4712、4714、4716、4718、4720、4722、4724、4726、4728、4730、4732、4734、4736、4738、4740、4742、4744、4746、4748、4750、4752、4754、4756、4758、4760、4762、4764、4766、4768、4770、4772、4774、4776、4778、4780、4782、4784、4786、4788、4790、4792、4794、4796、4798、4800、4802、4804、4806、4808、4810、4812、4814、4816、4818、4820、4822、4824、4826、4828、4830、4832、4834、4836

8、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177)の一部を有する合成DNAをプライマーとしたPCR法によって増幅する方法、あるいは、適当なベクターに組み込んだDNAを本発明のタンパク質の一部あるいは全領域をコードするDNA断片もしくは合成DNAを標識したものとのハイブリダイゼーションによって選別すること、などが挙げられる。細胞、組織より全RNAまたはmRNA画分を調製したものを用いて直接Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction (RT-PCR法)によって増幅することもできる。適当なベクターに組み込んだDNAとしては、たとえば市販されている(CLONTECH社、STRATAGENE社)ライブラリーを使用することができる。ハイブリダイゼーションの方法は、当業者間で通常行われているものであり、たとえば、上記T. Maniatisらの実験操作書に従えば容易に実施できる。クローン化された本発明のタンパク質をコードするDNAは目的によりそのまま、または所望により制限酵素で消化したり、リンカーを付加したりして使用することができる。上記のようにして得られるDNAは、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177に記載のヌクレオチド配列を有する遺伝子であるか、あるいは前述の(3)～(6)のポリヌクレオチドであればよい。上記(B)において発現ベクターに組み込むDNAは、上述のタンパク質の全長をコードする全長cDNAでも、DNA断片でも良いし、その一部分を発現する様に構築されたDNA断片でも良い。

すなわち、本発明は、上記のDNAを含有する組換えベクターである。

【0051】

本発明のタンパク質の発現ベクターは、たとえば、本発明のタンパク質をコードするDNAから目的とするDNA断片を切り出し、該DNA断片を適当な発現ベクター中のプロモーターの下流に連結することにより製造することができる。

【0052】

用いる発現ベクターとしては、複製可能であれば、大腸菌をはじめとする原核生物由来、酵母由来、真菌由来、昆虫ウイルス由来、脊椎動物ウイルス由来いずれのベクターでも良いが、宿主として使用する微生物または細胞に適したものを選択する必要がある。また、発現物に応じて、宿主細胞-発現ベクター系としては、適切な組み合わせが選択される。

微生物を宿主として使用する場合、これら微生物に適したプラスミドベクターが組み換え体DNAの複製可能な発現ベクターとして一般に用いられる。

【0053】

たとえば、大腸菌を形質転換するためのプラスミドベクターとしては、プラスミドpBR322やpBR327などを用いることができる。プラスミドベクターは通常複製起源、プロモーター、及び組換え体DNAで形質転換した細胞を選別するのに有用な表現型を組換え体DNAに与えるマーカー遺伝子等を含んでいる。プロモーターの例としては、 β -ラクタマーゼプロモーター、ラクトースプロモーター、トリプトファンプロモーター等が挙げられる。マーカー遺伝子の例としては、アンピシリン耐性遺伝子やテトラサイクリン遺伝子などが挙げられる。適した発現ベクターの例としては、プラスミドpBR322、pBR327の他に、pUC18、pUC19等が挙げられる。

【0054】

酵母で本発明のDNAを発現するためには、複製可能なベクターとして、たとえばYEp24を用いることができる。プラスミドYEp24はURA3遺伝子を含含有しており、このURA3遺伝子をマーカー遺伝子として利用することができる。酵母細胞用の発現ベクターのプロモーターの例としては、3-ホスホグリセレートキナーゼ、グリセルアルデヒド-3-ホスフェートデヒドロゲナーゼ、アルコールデヒドロゲナーゼなどの遺伝子のプロモーター等が挙げられる。

【0055】

真菌で本発明のDNAを発現するための発現ベクターに用いられるプロモーター及びターミナーの例としては、ホスホグリセレートキナーゼ (PGK)、グリセルアルデヒド-3-ホスフェートデヒドロゲナーゼ (GAPD)、アクチン等の遺伝子プロモーター及びターミネーターが挙げられる。適した発現ベクターの例としては、プラスミド pPGACY2、pBSFAHY83等が挙げられる。

【0056】

昆虫細胞で本発明のDNAを発現させるための発現ベクターに用いられるプロモーターの例としては、ポリヘドリンプロモーター、P10プロモーターなどが挙げられる。

【0057】

動物細胞で本発明のDNAを発現させるための組換えベクターは、一般に遺伝子を制御するための機能配列、たとえば、複製起源、本発明のDNAの上流に位置すべきプロモーター、リボソーム結合部位、ポリアデニル化部位や転写終止配列を含有している。本発明のDNAを真核細胞内で発現させるのに用いることができるそのような機能配列はウイルスやウイルス性物質から得ることができる。例えば、SR α プロモーター、SV40プロモーター、LTRプロモーター、CMV (サイトメガロウイルス) プロモーター、HSV-TKプロモーターなどがあげられる。これらのうち、CMVプロモーター、SR α プロモーターなどを用いるのが好ましい。また、本発明のタンパク質をコードする遺伝子の上流位置に本来存在するプロモーターも、上述の宿主-ベクター系で使用するのに適しているならば使用することができる。複製起源については、外来性の起源、たとえばアデノウイルス、ポリオーマ、SV40等のウイルス由来の複製起点を用いることができる。また、発現ベクターとして宿主染色体に組み込まれるような性質を有するベクターを用いる場合、宿主染色体の複製起源を利用することができる。適した発現ベクターの例としては、プラスミド pSV-dhfr (ATCC 37146)、pBPV-1 (9-1) (ATCC 37111)、pcDNA3.1 (INVITROGEN社)、pME18S-FL3等が挙げられる。

【0058】

本発明は、上記の組換えベクターを含む形質転換された細胞である。本発明の複製可能な組換えベクターで形質転換された微生物または細胞は、前述の通り、組換えベクターに与えられた少なくとも1種の表現型によって形質転換されずに残った親細胞から選別される。表現型は少なくとも1種のマーカー遺伝子を組換えベクターに挿入することによって与えることができる。また複製可能なベクターが本来有しているマーカー遺伝子を利用することもできる。マーカー遺伝子の例としては、たとえば、ネオマイシン耐性などの薬剤耐性遺伝子やジヒドロ葉酸レダクターゼをコードする遺伝子などが挙げられる。

【0059】

上記(C)において用いる宿主としては、大腸菌をはじめとする原核生物、酵母、真菌等の微生物、及び昆虫や動物等の細胞のいずれでも良いが、用いる発現ベクターに適したものを選択する必要がある。微生物の例としては、エシユリヒア コリ (*Escherichia coli*) の菌株、たとえば *E. coli* K12株294 (ATCC 31446)、*E. coli* X1776 (ATCC 31537)、*E. coli* C600、*E. coli* JM109、*E. coli* B株、あるいはバチラス サブチリス (*Bacillus subtilis*) の如き *Bacillus* 属の菌株、あるいはサルモネラ チフィムリウム (*Salmonella typhimurium*) またはセラチア マーゼサンス (*Serratia marcesans*) 等の大腸菌以外の腸内菌、あるいはシュードモナス (*Pseudomonas*) 属の種々の菌株が挙げられる。酵母としては、たとえば、サッカロミセス セレビシエ (*Saccharomyces cerevisiae*)、シゾサッカロマイセス ポンベ (*Schizosaccharomyces pombe*)、ピキア パストリス (*Pichia pastoris*) などが用いられる。真菌としては、たとえば、アスペルギルス ニドランス (*Aspergillus nidulans*)、アクレモニウム クリソゲナム (*Acremonium chrysogenum*) (ATCC 11550) 等が挙げられる。

【0060】

昆虫細胞としては、たとえば、ウイルスがAcNPVの場合は、夜盗蛾の幼虫由来株化細胞（*Spodoptera frugiperda*: Sf細胞）、*Trichoplusia ni*の卵由来のHigh FiveTM細胞、などが用いられる。動物細胞の例としては、HEK293細胞、COS-1細胞、COS-7細胞、HeLa細胞、チャイニーズハムスター（CHO）細胞等が挙げられる。これらの中でも、CHO細胞およびHEK293細胞が好ましい。細胞を宿主とする場合、用いられる発現ベクターと宿主細胞の組合せは実験の目的により異なるが、その組合せにより、一過的発現、構成的発現の2種類の発現方式が考えられる。

【0061】

上記（C）における微生物及び細胞の形質転換とは、DNAを強制的方法や、細胞の貪食能により微生物や細胞に取り込ませ、プラスミド状態あるいは染色体に組み込まれた状態でDNAの形質を一過的あるいは構成的に発現させることである。当業者であれば公知の方法によって形質転換できる（たとえば実験医学別冊遺伝子工学ハンドブック）。たとえば動物細胞の場合、DEAE-デキストラン法、リン酸カルシウム法、エレクトロポレーション法（電気穿孔法）、リポフェクション法などの方法でDNAを細胞に導入することができる。動物細胞を用いて、本発明のタンパク質を安定に発現させる方法としては、上記の動物細胞に導入された発現ベクターが染色体に組み込まれた細胞をクローン選択によって選択する方法がある。具体的には、上記の選択マーカーを指標にして形質転換体を選択する。さらに、このように選択マーカーを用いて得られた動物細胞に対して、繰り返しクローン選択を行なうことにより本発明のタンパク質の高発現能を有する安定な動物細胞株を得ることができる。また、Dihydrofolate reductase（DHFR）遺伝子を選択マーカーとして用いた場合Methotrexate（MTX）濃度を徐々に上げて培養し、耐性株を選択することにより、DHFR遺伝子とともに、本発明のタンパク質をコードするDNAを細胞内で増幅させて、さらに高発現の動物細胞株を得ることもできる。

【0062】

上記の形質転換された細胞を本発明のタンパク質をコードするDNAが発現可

能な条件下で培養し、本発明のタンパク質を生成、蓄積せしめることによって、本発明のタンパク質を製造することができる。すなわち、本発明は、上記(3)～(6)に記載の単離されたポリヌクレオチドを含む形質転換された細胞を、該ポリヌクレオチドによりコードされているタンパク質を発現させる条件下培養し、次いで培地から該タンパク質を回収することを含む該タンパク質の製造方法である。

【0063】

上記の形質転換された細胞の培養は、当業者に公知の方法で行なうことができる(たとえばバイオマニュアルシリーズ4、羊土社)。たとえば動物細胞の場合、各種の動物細胞培養法、たとえば、シャーレ培養、マルチトレイ式培養、モジュール培養などの付着培養、または細胞培養用担体(マイクロキャリアー)に付着させるか生産細胞自体を浮遊化させ浮遊培養等の公知の方法により培養を行なえば良い。培地は通常良く用いられる動物細胞用の培地、たとえばD-MEMやRPMI 1640等を用いれば良い。

【0064】

上記培養物から本発明のタンパク質を分離精製するには、自体公知の分離・精製法を適切に組み合わせて行なうことができる。これらの公知の分離、精製法としては、塩析や溶媒沈澱法などの溶解度を利用する方法、イオン交換クロマトグラフィーなどの荷電の差を利用する方法、透析法、限外ろ過法、ゲルろ過法、およびSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動法などの主として分子量の差を利用する方法、アフィニティークロマトグラフィーなどの特異的親和性を利用する方法、逆相高速液体クロマトグラフィーなどの疎水性の差を利用する方法、等電点電気泳動法などの等電点の差を利用する方法などが用いられる。たとえば、本発明のタンパク質は、硫酸またはエタノール沈殿、酸抽出、アニオンまたはカチオン交換クロマトグラフィー、ホスフォセルロースクロマトグラフィー、疎水性相互作用クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、ヒドロキシアパタイトクロマトグラフィーおよびレクチンクロマトグラフィーを含む既知の方法により組換え細胞培養物から回収し、精製することができる。最も好ましくは、高性能液体クロマトグラフィーが精製に使用される。ポリペプチドが細胞内合

成、単離または精製の間に変性するときには、活性なコンフォーメーションを再生するためにタンパク質をリフォールディングするためのよく知られた技術を使用できる。

【0065】

本発明のタンパク質を他のタンパク質との融合タンパク質として製造することができる。これらも、本発明に含まれる。この融合タンパク質を発現する際に用いられるベクターとしては、該タンパク質をコードするDNAを組み込むことができ、かつ該融合タンパク質を発現することができるベクターであれば、いかなるベクターでも用いることができる。本発明のペプチドに融合できるタンパク質としては、たとえばグルタチオン-S-トランスフェラーゼ (GST)、ヒスチジン残基の6個の連続配列 (6×His) 等が挙げられる。本発明のタンパク質を他の蛋白質と融合した蛋白質として発現させた場合には、融合した蛋白質に親和性をもつ物質を用いたアフィニティークロマトグラフィーを用いて精製することができ、有利である。例えば、GSTとの融合蛋白質として生産した場合は、グルタチオンをリガンドとするアフィニティークロマトグラフィーにより精製することができる。

【0066】

本発明は、上記(7)のタンパク質の活性を阻害するタンパク質を含む。たとえば、抗体や上記(7)のタンパク質の活性中心等に結合し、活性の発現を妨げる他のタンパク質が挙げられる。

本発明は、前記の本発明のタンパク質あるいはその部分ペプチドに特異的に結合する抗体ならびにそのような抗体の製造方法に関する。抗体は、本発明のタンパク質を認識し得る抗体であれば、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体、ならびにこれらの抗体のフラグメント、一本鎖抗体、ヒト化抗体の何れであってもよい。抗体フラグメントは、公知の技術によって作製することができる。たとえば、該抗体フラグメントには、限定されるものではないが、F(a b')₂フラグメント、F a b' フラグメント、F a b フラグメント及びF v フラグメントが含まれる。たとえば、モノクローナル抗体またはポリクローナル抗体は、上記(1)または(2)に記載のタンパク質を抗原またはエピトープ含有フラグメン

トとして非ヒト動物に投与することにより得られる。本発明のタンパク質に対する抗体は、本発明のタンパク質あるいはそのペプチドを抗原として用い、自体公知の抗体または抗血清の製造法に従って製造することができる。たとえば実験医学別冊 新遺伝子工学ハンドブック 改訂第3版に記載の方法が挙げられる。

【0067】

ポリクローナル抗体の場合であれば、たとえば、本発明のタンパク質をウサギなどの動物に本発明のタンパク質あるいはペプチドを注射することにより該タンパク質あるいはペプチドに対する抗体を産生させ、次いで血液を採取し、これを、たとえば硫酸沈殿、イオン交換クロマトグラフィー、あるいは該タンパク質を固定化したアフィニティーカラム等によって精製することで調製することができる。

【0068】

モノクローナル抗体の場合は、たとえば、本発明のタンパク質をマウスなどの動物に免疫し、同マウスから脾臓を抽出し、これをすりつぶして細胞にし、マウスミエローマ細胞とポリエチレングリコールなどの試薬により融合させ、これによりできた融合細胞（ハイブリドーマ）の中から、本発明のタンパク質に対する抗体を産生するクローンを選択する。次いで、得られたハイブリドーマをマウス腹腔内に移植し、同マウス内より腹水を回収し、得られたモノクローナル抗体を、たとえば硫酸沈殿、イオン交換クロマトグラフィー、あるいは該タンパク質を固定化したアフィニティーカラム等によって精製することで調製することができる。

【0069】

得られた抗体をヒトに投与する目的で使用する場合は、免疫原性を低下させるために、ヒト型化抗体あるいはヒト抗体を用いることが好ましい。ヒト型化抗体は、トランスジェニックマウスまたは他の哺乳動物を用いて作製することができる。これらのヒト型化抗体のやヒト抗体の一般的概説は、たとえば、Morrison, S. L. et al. [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81: 6851-6855 (1984)]、Jones, P. T. et al [Nature 321: 522-525 (1986)]、野口浩〔医学のあ

ゆみ 167:457-462 (1993)」、松本隆志〔化学と生物 36:448-456 (1998)〕によって供されている。ヒト化キメラ抗体は、マウス抗体のV領域とヒト抗体のC領域を遺伝子組換えにより結合し、作製することができる。ヒト化抗体は、マウスのモノクローナル抗体から相補性決定部位(CDR)以外の領域をヒト抗体由来の配列に置換することによって作製できる。また、免疫系をヒトのものと入れ換えたマウスを用いて、該マウスを免疫して、通常のモノクローナル抗体と同様に直接ヒト抗体を作製することもできる。これらの抗体は、タンパク質を発現するクローンを単離したり同定するのに使用できる。また、これらの抗体は、本発明のタンパク質を細胞抽出液、または本発明のタンパク質を産生する形質転換細胞から精製するのに使用できる。更にこれらの抗体は、細胞や組織中の本発明のタンパク質を検出するELISAやRIA(ラジオイムノアッセイ)、またはウエスタンブロット系の構築に使用できる。このような検出系は、動物、好ましくは、ヒトの組織または血管内流体などの身体サンプル中に存在する本発明のタンパク質の存在量を検出する診断目的に使用することができる。たとえば、これらの抗体は、炎症、自己免疫疾患、感染症(一例としてHIV感染)、癌などの、本発明のタンパク質の(発現)異常に起因するHIF- κ Bの望ましくない活性化によって特徴付けられる疾患の診断に使用できる。疾患の診断の基礎を提供するために、本発明のタンパク質の発現についての通常の値、すなわち標準値が確立されなければならないが、これは当業者においては周知の技術である。すなわち、複合体形成のための適切な条件下で、ヒトあるいは動物のどちらでもよいが、正常の被験者から得られた体液あるいは細胞抽出物と、本発明のタンパク質に対する抗体とを結合させ、この抗体-タンパク複合体の量を化学的または物理的手段により検出し、これを既知量の抗原(本発明のタンパク質)を含む標準液を用いて作成した標準曲線を用いて、正常サンプルから得られた標準値を算出する。標準値と本発明のタンパク質が関係する疾患を潜在的に患う被験者からのサンプルから得られた値と比較し、標準値との偏差によって疾病の存在を確認することができる。また、これらの抗体は、本発明のタンパク質の機能を研究する試薬としても用いることができる。

【0070】

本発明の抗体は精製され得、次いで、たとえば、炎症、自己免疫疾患、感染症（一例としてHIV感染）、癌などの、本発明のタンパク質の（発現）異常に起因するHF- κ Bの望ましくない活性化によって特徴付けられる疾患の患者に投与され得る。すなわち本発明は、上記に記載の抗体を有効成分として含有する医薬、および抗体を用いた治療方法である。これらの医薬は治療的使用のためにさらなる有効成分または不活性成分（たとえば、従来の薬学的に受容可能なキャリアまたは希釈剤（たとえば、免疫原性アジュバント）と、生理学的に無毒の安定化剤および賦形剤とともに組み合わせられ得る。これらの組み合わせは、濾過滅菌され、そして凍結乾燥により投薬バイアル中に、または安定化水性調製物中の貯蔵物として投薬形態にされ得る。患者への投与は、たとえば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射などの当業者に公知の方法により行い得る。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。これらの抗体は、本発明のタンパク質で仲介されるNF- κ Bの活性化を阻害し、治療効果を示す。

【0071】

本発明のDNAは、細胞内シグナリングプロセスに関与する他のタンパク質を単離、同定、クローン化することにも使用できる。たとえば、本発明のタンパク質をコードするDNA配列は、コードされたタンパク質を「バイト（bait）」として用いて、cDNAまたはゲノムDNAライブラリーから、本発明のタンパク質に結合できるタンパク質をコードする他の配列「プレイ（prey）」を単離し、クローン化する酵母ツーハイブリッドシステム（たとえばNature、340:245-246（1989））に用いることができる。同様の方式で、本発明のタンパク質が、他の細胞タンパク質（たとえばNIK、TRAF2）に結合できるかどうかも決定することができる。あるいは別の方法として、本発明のタンパク質の抗体を用いた免疫沈降法（たとえば、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック）によって、本発明のタンパク質に結合し得るタンパク質を細胞抽出物から単離する方法が挙げられる。さらに別の方法として、上記に記載のように、本発明のタンパク質を他のタンパク質との融合タンパク質として発現させ、融合タンパク質に対する抗体を用いて免疫沈降法を行ない、本発明のタンパク

質に結合し得るタンパク質を単離する方法が挙げられる。

【0072】

診断アッセイは、前述の方法により、NF- κ Bを活性化する機能を持つ（1）、（2）または（7）のタンパク質遺伝子中の変異を検出することにより疾患の診断や該疾患への感受性を決定するための方法を提供する。さらに、このような疾患は、個体に由来するサンプル中のタンパク質またはmRNAレベルの異常な減少または増加を測定することを含む方法によって診断してもよい。発現の減少または増加は、当該技術でRNAレベルでのポリヌクレオチドの定量によく知られた方法、たとえば、RT-PCRなどの核酸増幅法、およびRNase保護法、ノーザンブロット法その他のハイブリダイゼーション法などの方法で測定できる。宿主に由来するサンプル中のタンパク質レベルの測定に使用され得るアッセイ技術は、当業者によく知られている。そのような方法には、ラジオイムノアッセイ、競合的結合測定法、ウェスタンブロット分析およびELISAアッセイが含まれる。本発明のDNAは、本発明のタンパク質またはそのペプチドフラグメントをコードするDNAまたはmRNAにおける異常を検出するのに使用できる。本発明は、個体における上記（1）、（2）または（7）に記載のタンパク質の発現に関連した疾患または疾患への感受性を診断する方法に関する。該方法は、タンパク質をコードするポリヌクレオチド配列における変異を、測定することを含む。

【0073】

本発明のDNAは、本発明のDNAを用いることによって、本発明のタンパク質またはその部分ペプチドをコードするDNAまたはmRNAの異常を検出することができるので、たとえば、該DNAまたはmRNAの損傷、突然変異あるいは発現低下や、増加あるいは発現過多などの遺伝子診断に有用である。すなわち本発明は、個体における該タンパク質の発現または活性に関連した、該個体における疾病または疾病への感受性の診断方法であって、

（a）個体のゲノムにおける請求項1または2に記載のタンパク質をコードするヌクレオチド配列中の変異の存在または不存在を決定し、および／または

（b）該個体に由来するサンプル中での該タンパク質の発現量を分析する、こと

を含む診断方法であって、発現するタンパク質の量が正常の2倍以上あるいは1/2以下の場合に病気であると診断する方法に関する。

【0074】

上記(a)により、NF- κ Bを活性化する機能を持つ(1)、(2)または(7)のタンパク質をコードするヌクレオチド配列に変異がある場合は、該変異がNF- κ Bの活性化に関連した疾病を引き起こす可能性がある。あるいは、(b)により、被験者における前記(1)、(2)または(7)のタンパク発現量を測定し正常値を異なる値を示す場合は、NF- κ Bを活性化する作用を持つ本発明の新規タンパク質の発現量異常がNF- κ Bの活性化に関連した疾病の原因である可能性がある。ここで、(a)のNF- κ Bを活性化する機能を持つ(1)、(2)または(7)のタンパク質をコードするヌクレオチド配列の変異の有無を測定する方法としては、それらのタンパク質遺伝子のヌクレオチド配列の一部をプライマーとして、RT-PCRを行い、その後通常のヌクレオチド配列決定方法によって配列を決定し、変異の有無を検出できる。あるいは、PCR-SSCP法(Genomics、5:874-879、1989年、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック)によっても変異の有無を調べることができる。

【0075】

また、(b)のタンパク発現量を調べる方法としては、たとえば、前記(16)に記載の抗体を利用する方法が挙げられる。ヌクレオチド配列を決定する方法としては、たとえば、上記(3)～(6)に記載の遺伝子のヌクレオチド配列の一部をプライマーとしてRT-PCRを行ない、その後通常のヌクレオチド配列決定方法によって配列を決定し変異の有無を検出できる。あるいはPCR-SSCP法(Genomics、5:874-879、1989年、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック)によっても変異の有無を調べることができる。

また、本発明は、本発明のタンパク質によるNF- κ Bの活性化を阻害または促進する化合物のスクリーニング方法に関する。

【0076】

このスクリーニング方法は、

(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子およ

び検出可能なシグナルを提供し得る成分を細胞に提供する工程、

(b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された細胞と1あるいは複数個の被検化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを検出する工程、および

(e) 該検出可能なシグナルを正常より2倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを2分の1以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程、

を含む。

【0077】

検出可能なシグナルを提供し得る成分としては、たとえばレポーター遺伝子が挙げられる。レポーター遺伝子は、テストを行なう転写因子の活性化を直接検出するかわりに用いられるもので、調べたい遺伝子のプロモーターをレポーター遺伝子につなぎ、レポーター遺伝子の産物の活性を測定することによってプロモーターの転写活性の解析を行なうものである（バイオマニュアルシリーズ4、羊土社（1994））。

【0078】

レポーター遺伝子としては、その発現産物の活性または生産量（mRNAの生産量も含まれる）を当業者が測定可能なものであれば、いかなるペプチド、タンパク質をコードする遺伝子も用いることができる。たとえば、クロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ、 β -ガラクトシダーゼ、ルシフェラーゼ等の酵素活性を測定することで利用できる。NF- κ Bの活性化を評価するのに用いるレポータープラスミドとしては、NF- κ B認識配列をレポーター遺伝子の上流に組み込んだものであればよく、たとえばpNF- κ B-Luc（STRATAGENE社）が利用できる。あるいは、Tanaka S. et. al. J. Vet. Med. Sci. Vol. 59 (7)、Rothe M. et. al. Science Vol. 269 p1424-1427 (1995)に記載のNF- κ B依存レポータープラスミドが例示される。

【0079】

宿主細胞としては、NF- κ Bの活性化を検出し得る細胞であればよく、好ましくは、哺乳動物細胞であり、たとえば293EBNA細胞が好適に用いられる。形質転換及び培養に関しては、上記に記載の通りである。

【0080】

NF- κ Bの活性化を阻害または促進する化合物のスクリーニングは、具体的には、たとえば、一定時間培養した形質転換細胞に、被験物質を任意の量添加し、一定時間後の該細胞が発現するレポーター活性を測定し、被験物質を添加しない細胞のレポーター活性と比較することにより、NF- κ Bの活性化を阻害または促進する化合物をスクリーニングすることができる。レポーター活性の測定は、当業者に公知の方法（たとえばバイオマニュアルシリーズ4、羊土社（1994））で行なうことができる。スクリーニングの被検物質には特に制限はなく、低分子化合物、ペプチドなどが挙げられる。被検化合物は、人工的に合成したものであっても、天然に存在するものであっても良い。また単一物質でも、混合物でもい。検出可能なシグナルとしては、上記レポーター遺伝子の他に、NF- κ Bの活性化によって発現が誘導されることが知られている、たとえばIL-1やTNF- α の遺伝子のmRNA量あるいはタンパク量を測定しても良い。mRNA量の測定は、たとえばノーザンハイブリダイゼーションやRT-PCR法などが挙げられる。タンパク量の測定はたとえば抗体を用いる方法が挙げられる。抗体は公知の方法によって作製しても良いし、市販のもの（たとえば和光純薬工業株式会社）を使用することもできる。

【0081】

また、以下の（a）～（f）の工程により医薬組成物を製造することも可能である。

（a）NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを与えることができる成分を細胞に提供する工程、

（b）該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、

（c）該形質転換された宿主細胞と1あるいは複数個の化合物とを接触させる工

程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程、

(e) 該検出可能なシグナルを正常より 2 倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを 2 分の 1 以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程、および

(f) 単離または同定された化合物を医薬組成物として最適化する工程。

【0082】

本願発明のタンパク質は、以下の工程により、該タンパク質のアゴニスト、アンタゴニストまたは阻害剤を、構造を基礎にして設計する方法に使用してもよい。

(a) まず、タンパク質の三次元構造を決定する工程、

(b) アゴニスト、アンタゴニストまたは阻害剤の反応性部位または結合部位と思われる部位の三次元構造を推論する工程、

(c) 推論した結合部位または反応性部位に結合するかあるいは結合すると予測される候補化合物を合成する工程、および

(d) 該候補化合物が本当にアゴニスト、アンタゴニストまたは阻害剤であるかを試験する工程。

【0083】

また本発明は、上記スクリーニングによって得られた化合物を含む。しかしながら、本発明のスクリーニング方法は、上記の方法に限定されるものではない。さらに、上記(14)に記載の方法により医薬組成物を製造する方法も含む。

【0084】

該候補化合物には特に制限はなく、低分子化合物、ペプチドなどが挙げられ、また、人工的に合成したものであっても、天然に存在するものであっても良い。上記スクリーニングによって得られた化合物は、NF- κ Bの活性化を阻害または促進する作用を有しているので、NF- κ Bの望ましくない活性化あるいは不活性化に起因する疾患を治療または予防するための医薬として有用である。混合物から目的化合物を単離、精製するには、自体公知の方法、例えば濾過、抽出、洗浄、乾燥、濃縮、結晶化、各種クロマトグラフィー等を適宜組み合わせて行な

うことができる。化合物の塩を取得したい時は、化合物が塩の形で得られる場合にはそのまま精製すれば良く、また遊離の形で得られる場合には、通常の方法により適当な溶媒に溶解または懸濁し、所望の酸または塩基を添加し、塩を形成させて単離精製すれば良い。本発明の方法を用いて得られる化合物またはその塩を医薬組成物とする場合、常法により製剤化することができる。すなわち活性成分として有効な量の上記化合物またはその薬理的に許容される塩と、薬理的に許容される担体とを混合すれば良い。製剤化は選沢された投与様式に適した形態が選ばれる。経口投与に適した組成物としては、錠剤、顆粒剤、カプセル剤、丸剤、および散剤などの固体形態、溶液剤、シロップ剤、エリキシル剤、および懸濁液剤などの液体形態が挙げられる。非経口投与に有用な形態としては、無菌溶液剤、乳剤、および懸濁液剤が挙げられる。上記の担体としては、例えばゼラチン、乳糖、グルコース等の糖類、コーン・小麦・米・とうもろこし澱粉等の澱粉類、ステアリン酸等の脂肪酸、ステアリン酸カルシウム・ステアリン酸マグネシウム等の脂肪酸塩、タルク、植物油、ステアリンアルコール・ベンジルアルコール等のアルコール、ガム、ポリアルキレングリコール等が挙げられる。これらのうち液状担体の例としては、一般に水、生理食塩水、デキストロースまたは類似の糖溶液、エチレングリコール、プロピレングリコール、ポリエチレングリコール等のグリコール類が挙げられる。

【 0 0 8 5 】

本発明は、NF- κ Bの活性化阻害剤または活性化剤としての活性について化合物をスクリーニングするためのキットである。該キットは、

(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子およびNF- κ Bの活性化後、その活性化が検出可能なシグナルを提供する成分を含有する細胞、

(b) 該検出可能なシグナルを測定するための試薬、から成り、NF- κ Bの活性化を阻害または促進する化合物をスクリーニングするために必要な試薬類を含む。

【 0 0 8 6 】

別の側面において、本発明は、

(a) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177で表されるヌクレオチド配列を有する本発明のポリヌクレオチド；

(b) (a) のヌクレオチド配列に相補的なヌクレオチド配列；

(c) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列を有する本発明のタンパク質またはそれらの断片；または

(d) (c) の本発明のタンパク質に対する抗体；
を含む診断キットに関する。

【0087】

少なくとも(a)～(d)のいずれかを含むキットは、炎症、自己免疫疾患、感染性疾患（たとえばHIV感染）および癌などの疾患または該疾患への感受性を診断するのに有用である。

【0088】

NF- κ Bは、炎症、自己免疫疾患、ガン及びウイルス感染などの多種の病理

学的状態におけるその関与のため、薬物デザイン及び治療介入のための魅力的な標的である。多数の実験が、NF- κ B活性の阻害が深い生理学的作用を有し得ることを示している（たとえば、Ann. Rheum. Dis. 57, 738-741 (1998), American Journal of Pathology 152, 793-803 (1998), ARTHRITIS & RHEUMATISM 40, 226-236 (1997), Am. J. Respir. Crit. Care Med. 158, 1585-1592 (1998), J. Exp. Med. 188 1739-1750 (1998), Gut 42, 477-484 (1998), The Journal of Immunology 161, 4572-4582 (1998), Nature Medicine 3, 894-899 (1997)）。本明細書中に報告するNF- κ Bを活性化する作用を有する新規タンパク質の発見により、異常なNF- κ B機能を阻害する新しい方法が提供された。さらなる具体例において、本発明は、NF- κ Bの活性化を阻害するための前記のNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質の機能を阻害する化合物を用いる方法に関する。上記スクリーニング方法によって得られた、NF- κ Bの活性化を阻害する化合物は、たとえば炎症、自己免疫疾患、感染症（1例としてHIV感染症）、ガンなどの、NF- κ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患の治療または予防する医薬として有用である。更に、NF- κ Bの活性化が細胞のアポトーシスを阻害することが、最近明らかになりつつある。上記スクリーニング方法によって得られた、NF- κ Bの活性化を阻害する化合物は、アポトーシスを促進する機能を持つ可能性も考えられる。アポトーシスの誘導が治療につながる疾患としては、腫瘍が挙げられる。

【0089】

逆に、アポトーシスの抑制が治療につながる疾患としてはGVHD、Toxic epidermal necrolysis (TEN)などの皮膚疾患、増殖性腎炎（IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎）、劇症肝炎などが挙げられる。よって、上記スクリーニング方法によって得られた、NF- κ Bの活性化を促進する化合物はこれらの疾患の治療または予防のための医薬として有用である。

【0090】

更に、本発明のタンパク質をコードする遺伝子は、癌、自己免疫疾患、アレルギー性疾患、および炎症性応答を初めとする様々な疾患の治療を目的とした遺伝

子治療にも有用である。遺伝子治療とは、疾病の治療を目的として、遺伝子または遺伝子を導入した細胞をヒトの体内に投与することを意味する。本発明のタンパク質や該タンパク質をコードするDNAは、診断目的にも使用できる。

【0091】

本発明のスクリーニング方法を用いて得られる化合物またはその塩を上述の医薬組成物として使用する場合、常套手段に従って実施することができる。たとえば、錠剤、カプセル剤、エリキシル剤、マイクロカプセル剤、無菌性溶液、懸濁液剤などとしてすることができる。このようにして得られる製剤は安全で低毒性であるので、たとえば、ヒトや哺乳動物（たとえば、ラット、ウサギ、ヒツジ、ブタ、ウシ、ネコ、イヌ、サルなど）に対して投与することができる。患者への投与は、たとえば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射など当業者に公知の方法により行いうる。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。また、該化合物がDNAによりコードされうるものであれば、該DNAを遺伝子治療用ベクターに組み込み、遺伝子治療を行うことも考えられる。投与量、投与方法は、患者の体重や年齢、症状などにより変動するが、当業者であれば適宜選択することが可能である。すなわち本発明は、上記化合物を有効成分として含有する医薬に関する。

【0092】

さらに、上記化合物は、炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、感染症、ガンなどの、NF- κ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患の治療または予防する医薬として有用である。すなわち本発明は、上記化合物を含む炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、ガンなどの医薬に関する。具体的には、例えば、慢性関節リウマチ、変形性関節症、全身性エリテマトーデス、糖尿病、敗血症、喘息、アレルギー性鼻炎、虚血性心疾患、炎症性腸疾患、くも膜下出血、ウイルス肝炎、エイズ、などに対する治療及び予防薬として有用である。

【0093】

さらにまた、本発明は、炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、ガンなどの医薬の製造における上記（14）記載の方法により製造された医薬組成物の使用も含む。また本発明は、上記（3）～（6）に記載の遺伝子に対するアンチセンス

オリゴヌクレオチドである。アンチセンスオリゴヌクレオチドは、標的とした遺伝子配列に対して相補的な配列を持つオリゴヌクレオチドを用いて、タンパク質への翻訳、細胞質への輸送、あるいは全体的な生物活性機能に必要な他の活性等のRNAの機能を阻害することによって、標的遺伝子の発現を抑制することができる。この際、アンチセンスオリゴヌクレオチドとしては、RNAを用いても良いし、DNAを用いても良い。本発明のDNA配列は、本発明のタンパク質をコードする遺伝子から転写されたmRNAとハイブリダイズし得るアンチセンスオリゴヌクレオチドを作製するために使用できる。一般にアンチセンスオリゴヌクレオチドが、その遺伝子の発現に対して抑制的に作用することは公知での事実である（たとえば、細胞工学 Vol. 13 No. 4 (1994)）。本発明のタンパク質をコードする遺伝子に対するアンチセンスコード配列を有するオリゴヌクレオチドは、標準の方法で細胞内に導入することができ、該オリゴヌクレオチドは、本発明のタンパク質をコードする遺伝子のmRNAの翻訳を効果的に遮断して、その発現を遮断して、望ましくない作用が阻害される。

【0094】

本発明のオリゴヌクレオチドは、天然に見出されるオリゴヌクレオチドの他に、修飾されたものであっても良い〔たとえば、村上&牧野：細胞工学 Vol. 13 No. 4 p 259-266 (1994)、村上章：蛋白質核酸酵素 Vol. 40 No. 10 p 1364-1370 (1995)、竹内恒成ら：実験医学 Vol. 14 No. 4 p 85-95 (1996)〕。従って、オリゴヌクレオチドは変化した糖部分あるいは糖間部分を有していても良い。これらの例は、当該技術分野において使用が知られているホスホチオエート及び他のイオウ含有種である。幾つかの好ましい態様に従えば、オリゴヌクレオチドの少なくとも一つのホスホジエステル結合が、その活性が調節されるべきRNAが位置する細胞の領域に浸透する組成物の能力を高める機能を有する構造により置換される。

【0095】

このような置換は、ホスホロチオエート結合、ホスホロアミデート結合、メチルホスホネート結合または短鎖アルキルもしくはシクロアルキル構造を含むこと

が好ましい。オリゴヌクレオチドはまた、少なくとも幾つかの修飾されたヌクレオチド型を含んでいても良い。従って、天然に通常見いだされるもの以外のプリン及びピリミジンを使用していても良い。同様に本発明の本質的な意図が実行される限り、ヌクレオチドサブユニットのフラノシル部分を修飾することもできる。このような修飾の例は、2'-O-アルキル-、及び2'-ハロゲン置換ヌクレオチドである。本発明において有用な幾つかの糖部分の2'位の修飾の例は、OH、SH、SCH₃、OCH₃、OCN、またはO(CH₂)_nCH₃（ここでnは1から約10である）、及び同様の特性を有する他の置換基である。全てのこのような類似体は、本発明の遺伝子のmRNAとハイブリダイズしてそのRNAの機能を阻害する機能を果たす限り、本発明に包含される。

【0096】

本発明のオリゴヌクレオチドは、約3から約50ヌクレオチドを含み、約8から約25ヌクレオチドを含むことが好ましく、約12から約20ヌクレオチドを含むことがさらに好ましい。本発明のオリゴヌクレオチドは、周知の方法である固相合成法により作製することができる。このような合成のための装置は、Applied Biosystemsを含む幾つかの業者により販売されている。ホスホチオエート等の他のオリゴヌクレオチドの製造も当業者に公知の方法で作製できる。

【0097】

本発明のオリゴヌクレオチドは、本発明の遺伝子から転写されるmRNAとハイブリダイズできるように設計される。与えられた遺伝子の配列に基づいてアンチセンスオリゴヌクレオチドを設計する方法は、当業者であれば容易である〔たとえば、村上および牧野：細胞工学 Vol. 13 No. 4 p 259-266 (1994)、村上章：蛋白質核酸酵素 Vol. 40 No. 10 p 1364-1370 (1995)、竹内恒成ら：実験医学 Vol. 14 No. 4 p 85-95 (1996)〕。最近の研究は、mRNAの5'領域、好ましくは翻訳開始部位を含む領域に設計されたアンチセンスオリゴヌクレオチドが、遺伝子の発現の阻害に最も効果的であることを示唆している。アンチセンスオリゴヌクレオチドの長さは、15から30ヌクレオチドが好ましく、20から2

5ヌクレオチドがより好ましい。ホモロジー検索で他のmRNAとの相互作用がないこと、オリゴヌクレオチド配列内で二次構造を取らないことを確認しておくことは重要である。設計したアンチセンス分子が機能したかどうかの評価は、適当な細胞を用いて、該細胞にアンチセンスオリゴヌクレオチドを導入し、当業者には公知の方法で、対象mRNAの量（たとえば、ノーザンブロットまたはRT-PCR法）、あるいは対象タンパク質の量（たとえば、ウェスタンブロットまたは蛍光抗体法）を測定することにより、発現抑制の効果を確認できる。

【0098】

一方、三重らせん形成（トリプル・ヘリックス技術）は、核内のDNAを標的とした、主に転写の段階での遺伝子発現制御方法である。オリゴヌクレオチドは、主に転写に参与する遺伝子領域に設計され、それにより、転写及び本発明のタンパク質の産生を抑える。これらのRNA、DNA、オリゴヌクレオチドは、公知の合成装置などを用いて製造することができる。

【0099】

本発明のオリゴヌクレオチドは、標的核酸配列を含む細胞に、たとえばリン酸カルシウム法、リポフェクション法、エレクトロポレーション法、マイクロインジェクション法などのDNAトランスフェクション法、またはウイルスなどの遺伝子導入ベクターの使用を含む遺伝子導入法のいずれを用いて導入してもよい。適切なレトロウイルスベクターを用いてアンチセンスオリゴヌクレオチド発現ベクターを作製し、その後、該発現ベクターを細胞と*in vivo*または*ex vivo*で接触させることにより、標的核酸配列を含む細胞に導入できる。

本発明のDNAは、アンチセンスRNA/DNA技術またはトリプル・ヘリックス技術を用いて、本発明のタンパクを介するNF- κ Bの活性化を阻害するのに使用できる。

【0100】

本発明のタンパク質をコードする遺伝子のアンチセンスオリゴヌクレオチドは、たとえば炎症、自己免疫疾患、感染症（たとえば、HIV感染症）、ガンなどの、NF- κ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患を治療または予防する医薬として有用である。すなわち、本発明は、上記アンチセンスオリ

ゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬である。また、本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチドは、ノーザンハイブリダイゼーション法またはPCR法を用いてそれらの疾病の検出に利用することもできる。

【0101】

本発明は、NF- κ Bの活性化を阻害するリボザイムも含む。リボザイムは、核酸のヌクレオチド配列を認識して、核酸を切断する活性を持つRNAである（たとえば、柳川弘志 実験医学バイオサイエンス12、RNAのニューエイジ）。リボザイムは、選択された標的RNA、たとえば本発明のタンパク質をコードするmRNAを開裂するように製造することができる。本発明のタンパク質をコードするDNAのヌクレオチド配列を基に、本発明のタンパク質のmRNAを特異的に切断するリボザイムを設計することができ、かようなリボザイムは本発明のタンパク質のmRNAに対して相補的な配列を有し、該mRNAと相補的結合し、ついで該mRNAが開裂され本発明のタンパク質の発現が減少し（または完全に発現せず）、発現減少のレベルは標的細胞内でのリボザイム発現のレベルに依存している。

【0102】

よく用いられるリボザイムには、ハンマーヘッド型とヘアピン型の2種類があり、特にハンマーヘッド型リボザイムは切断活性に必要な一次構造や二次構造がよく調べられており、当業者であれば、本発明のタンパク質をコードするDNAのヌクレオチド配列情報のみで容易にリボザイムの設計が可能である〔たとえば、飯田ら：細胞工学Vol.16 No.3, p438-445 (1997)、大川&平比良：実験医学Vol.12 No.12 p83-88(1994)〕。ハンマーヘッドリボザイムは、標的RNAと相補鎖を形成する2ヶ所の認識部位（認識部位Iと認識部位II）と活性部位からなる構造をなし、標的RNAと認識部位で相補対を形成した後、標的RNAのNUXの配列（N：AまたはGまたはCまたはU、X：AまたはCまたはU）の3'末端側で切断することが知られており、特にGUC（あるいはGUA）が一番高い活性を持つことが知られている〔たとえばKoizumi, Mら：Nucl. Acids Res.17, 7059-7071(1989)、飯田ら：細胞工学Vol.16 No.3, p438-445 (1997)、大川&平比良：実験医学Vol.12 No.12 p83-88(1994)、川崎&多比良：実験医学 Vol.18 No.3 p3

81-386 (2000)]。

【 0 1 0 3 】

そこでまず、本発明のDNA配列の中からGTC（またはGTA）の配列を探し出し、その前後で数ヌクレオチドから十数ヌクレオチドの相補対をつくることできるようにリボザイムを設計する。設計したリボザイムの適切性の評価は、たとえば、大川&平比良の文献〔実験医学Vol.12 No.12 p83-88(1994)〕に記載の方法によって、作製したリボザイムが、インビトロで標的mRNAを切断できるかどうかを調べることで評価できる。リボザイムの調製は、RNA分子を合成するための当分野で周知の方法により調製する。

【 0 1 0 4 】

別法としては、リボザイムの配列をDNA合成機で合成し、たとえばT7或いはSP6のような適切なRNAポリメラーゼプロモータを有する多種のベクターに組み込み、インビトロで酵素的にRNAを合成させる方法が挙げられる。これらのリボザイムは、たとえばマイクロインジェクション法などの遺伝子導入方法によって細胞内に導入できる。あるいは別の方法として、リボザイムDNAを適当な発現ベクターに組み込んで、株細胞、細胞或いは組織内に導入する。選択された細胞中にリボザイムを導入するのに、適切なベクターを使用することができ、たとえばプラスミドベクター、動物ウイルス（たとえばレトロウイルス、アデノウイルス、ヘルペスあるいはワクシニアウイルス）ベクターがこれらの目的に通常用いられるこれらのリボザイムは、本発明のタンパク質で仲介されるNF- κ Bの活性化を阻害する作用を有する。

【 0 1 0 5 】

本発明はまた、機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、オリゴキャッピング法を用いて完全長cDNAライブラリーを作製する方法および該機能を有するタンパク質の存在を示すシグナル因子を用いる方法からなる取得方法に関する。シグナル因子には、たとえばレポーター遺伝子が挙げられる。

【 0 1 0 6 】

機能を有する遺伝子（cDNA）を多数取得するためには、不完全長のものが多いcDNAライブラリーを用いると効率が悪い。したがって、全体のクローン

の中で、完全長のものの割合が高いライブラリーが必要となる。完全長 cDNA は遺伝子から出来る mRNA の完全なコピーのことである。オリゴキャッピング法で作製した cDNA ライブラリーは、完全長 cDNA の割合が 50～80% であり、従来の方法で作製された cDNA ライブラリーと比べて、5～10 倍の完全長 cDNA クローンの濃縮になっている（菅野純夫：月刊 BIO INDUSTRY Vol.16 No.11 p19-26）。完全長 cDNA は、遺伝子の機能解析においては、タンパク質発現のために必須なクローンであり、完全長 cDNA のクローンそのものが活性測定のための材料として極めて重要なものであるため、遺伝子の機能解析を試みるに際して、完全長 cDNA のクローニングは必須の要件である。さらにその配列を決定することで、それがコードするタンパク質の一次配列を確定するための重要な情報となると同時に、遺伝子の全エクソンの配列も分かる。すなわち、完全長 cDNA は、遺伝子を同定する上で貴重な情報、たとえばタンパク質の一次配列、エクソン-イントロン構造、mRNA の転写開始点、プロモーターの位置などを決めるための情報をも与える。

【0107】

オリゴキャッピング法による完全長 cDNA ライブラリー作製は、たとえば実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック改訂第3版（1999年）に記載の方法に従い行うことができる。機能を有するタンパク質の存在を示すレポーター遺伝子は、転写因子等のタンパク質因子が結合できる適切な発現制御配列部分（1つまたは複数）と、その転写因子等による活性化を測定できる構造遺伝子部分からなる。構造遺伝子部分は、その発現産物の活性または生産量（mRNA の生産量も含まれる）を当業者が測定可能なものであれば、いかなるペプチド、タンパク質をコードする遺伝子も用いることができる。たとえば、クロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ、 β -ガラクトシダーゼ、ルシフェラーゼ等を用いることができ、その酵素活性を測定することで利用できる。

【0108】

本発明において、オリゴキャッピング法とは、鈴木・菅野 実験医学別冊 遺伝子工学ハンドブック改訂第3版に記載のように、BAP, TAP, RNAリガーゼにより、キャップ構造を合成オリゴに置換する方法である。

【0109】

本発明の方法は、イン ビトロ (in vitro) の系、あるいは細胞を用いて (cell-based) の系のどちらの方法でも良く、好ましくは細胞を用いた系である。細胞は、原核大腸菌をはじめとする原核生物、酵母、真菌等の微生物、及び昆虫や動物等の細胞のいずれでも良く、好ましくは動物細胞であり、293EBNA細胞、NIH3T3細胞が例示できる。

【0110】

機能を有するタンパク質の存在を示すレポーター遺伝子としては、本願明細書に示したNF- κ Bのレポーター遺伝子の他に、たとえばCREB (cAMP responsive element binding protein) 結合配列あるいはAP-1 (activator protein-1) 結合配列をレポーター遺伝子の発現制御配列部分に有するレポーター遺伝子が挙げられる。たとえば、CREBを活性化する機能を有する遺伝子を取得したい場合は、CREB依存レポータープラスミドとオリゴキャッピング法で作製した完全長cDNAクローンを細胞に共導入し、その中からレポーター活性が上昇したプラスミドを選ぶことによって、該目的を達成することができる。また、CREBを抑制する機能を有する遺伝子を取得したい場合は、CREB依存レポータープラスミドとオリゴキャッピング法で作製した完全長cDNAクローンを細胞に共導入し、その中からレポーター活性が減少したプラスミドを選ぶことによって、該目的を達成することができる。この場合、細胞に何らかの刺激を加えた状態で行なっても良い。cDNAクローンの細胞への導入は、1クローンでも良いし、複数のクローンを同時に導入しても良い。本発明の該方法の一例は、本願明細書実施例に詳細に記述してある。あるいは、完全長cDNAとレポーター遺伝子を細胞に導入した後、細胞をIL-1あるいはTNF- α などで刺激し、レポーター活性の上昇の弱いクローンを選ぶことによって、NF- κ Bの活性化を抑制する機能を有する遺伝子を取得するためのスクリーニング系を構築することもできる。

【0111】

しかしながら、本発明の該方法は、この方法に限定されるものではない。また、本発明のcDNAは、完全長cDNAであるため、その5'末端の配列がmR

NAの転写開始点であり、該cDNA配列をゲノムのヌクレオチド配列と比較することにより、該遺伝子のプロモーター領域を同定することに利用できる。ゲノムのヌクレオチド配列は、データベースに公知の配列として登録されている場合はその配列を利用できる。あるいは、該cDNAを用いてたとえばハイブリダイゼーションによってゲノムライブラリーからクローニングし、ヌクレオチド配列を決めることもできる。このようにして、本発明のcDNAのヌクレオチド配列をゲノムの配列と比較することによって、その上流に存在する該遺伝子のプロモーター領域を同定することが可能である。さらに、このようにして同定した該遺伝子のプロモーター断片を用いて該遺伝子の発現を調べるレポータープラスミドを作製することができる。レポータープラスミドは、大方の場合、転写開始点からその上流2kb、好ましくは転写開始点からその上流1kbのDNA断片をレポーター遺伝子上流に組み込むことによって作製できる。さらに該レポータープラスミドは、該遺伝子の発現を増強あるいは減弱させる化合物のスクリーニングに利用できる。具体的には例えば、該レポータープラスミドで適当な細胞を形質転換し、一定時間培養した形質転換細胞に、被験物質を任意の量添加し、一定時間後の該細胞が発現するレポーター活性を測定し、被験物質を添加しない細胞のレポーター活性と比較することによりスクリーニングすることができる。これらも本発明に含まれる。

【0112】

また本発明は、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177で表されるヌクレオチド配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットおよび／または配列番号

1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176および178で表されるアミノ酸配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体に関する。

【0113】

さらに本発明は、上記に記載の媒体上のデータと他のヌクレオチド配列のデータを比較して相同性の算出を行う方法に関する。すなわち、本発明の遺伝子およびアミノ酸配列は、その2次元および3次元構造を決定し、たとえば同様の機能を有する相同性の高いさらなる配列を同定するための貴重な情報源となる。これらの配列をコンピュータ読み込み可能媒体に保存し、ついで既知の高分子構造プログラムにおいて保存したデータを用いて、GCGのような既知検索ツールを用いてデータベースを検索すれば、データベース中の、ある相同性を有する配列を見出すことは容易である。

【0114】

コンピュータ読み取り可能媒体は情報またはデータを保存するのに用いる物体のいずれの組成物であってもよく、たとえば、市販フロッピーディスク、テープ、チップ、ハードドライブ、コンパクトディスク、およびビデオディスク等がある。また、本媒体上のデータは、他のヌクレオチド配列のデータと比較して相同性の算出を行なう方法を可能にする。この方法には、本発明ポリヌクレオチド配列を含む第一のポリヌクレオチド配列をコンピュータ読み込み可能媒体中に提供し、次いで、該第一のポリヌクレオチド配列を少なくとも一つの第二のポリヌクレオチドまたはポリペプチド配列と比較して相同性を同定する工程を含む。

【0115】

本発明はまた、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177から選択されるヌクレオチド配列の全てまたは一部を含むポリヌクレオチドが固定されている不溶性基質に関する。DNAプローブである複数の各種ポリヌクレオチドがスライドガラス等の特別に加工された基質上に固定され、次いで標識された標的ポリヌクレオチドを、固定化されたポリヌクレオチドとハイブリダイズさせ、それぞれのプローブからのシグナルを検出する。得られるデータは、解析され、遺伝子発現が測定される。

【0116】

本発明はさらにまた、配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176または178で表されるアミノ酸配列から選択されるアミノ酸配列の全てまたは一部を含むポリペプチドが固定されている不溶性基質に関する。このタンパク質を固定した不溶性基質と、生物由来の細胞抽出液とを混合し、不溶性基質上に捕獲された、診断あるいは新薬開発のために有効であることが期待されるタンパク質などの細胞由来の成分を、

単離あるいは同定することができる。

【0117】

【実施例】

以下に、実施例を挙げて本発明を詳しく説明するが、本発明は、これらの例に何ら限定されるものではない。

【0118】

(実施例1) オリゴキャッピング法を用いた完全長cDNAライブラリーの作製

(1) ヒト肺線維芽細胞 (Cryo NHLF) からのRNA調製

ヒト肺線維芽細胞 (Cryo NHLF: 三光純薬株式会社より購入) を、添付のプロトコールに従って培養した。10cmシャーレ50枚まで継代培養した後、セルスクレーパーで細胞を回収した。次いで、回収した細胞からRNA抽出用試薬ISOGEN (ニッポンジーンより購入) を用いて全RNAを取得した。取得の具体的方法は、試薬のプロトコールに従った。次いで、オリゴ-dT セルロース カラムを用いて、全RNAからポリA+RNAを取得した。ポリA+RNA取得の具体的方法は、上記Maniatisの実験書に従った。

【0119】

(2) マウスATDC5細胞からのRNA調製

マウスEC (embryonal carcinoma) 由来クローン化細胞株ATDC5 (Atsumi, T. et al.: Cell Diff. Dev., 30: p109-116 (1990)) を10cmシャーレ50枚まで継代培養した後、上記(1)と同様の方法でポリA+RNAを取得した。

【0120】

(3) オリゴキャッピング法による完全長cDNAライブラリー作製

上記ヒト肺線維芽細胞とATDC5細胞のポリA+RNAから、オリゴキャッピング法により完全長cDNAライブラリーをそれぞれ作製した。オリゴキャッピング法による完全長cDNAライブラリー作製の具体的方法は、菅野らの方法 [たとえば、Maruyama, K. & Sugano, S. Gene, 138: 171-174 (1994)、Suzuki, Y. et al. Gene, 2

00:149-156 (1997)、鈴木・菅野 実験医学別冊 遺伝子工学ハンドブック改訂第3版]に従って作製した。

【0121】

(4) プラスミドDNAの調製

上記実施例で作製した完全長cDNAライブラリーを、エレクトロポレーション法によって大腸菌TOP10株に形質転換した後、100 μ g/mlアンピシリンを含有するLB寒天培地に塗布し、37℃で一晩インキュベートした。続いて、アンピシリン含有LB寒天培地上で生育した大腸菌のコロニーから、QIAGEN社のQIAwell 96 Ultra Plasmid Kitを用いてプラスミドを回収した。具体的方法は、QIAwell 96 Ultra Plasmid Kitに添付のプロトコールに従った。

【0122】

(実施例2) NF- κ Bを活性化する作用を有するDNAのクローニング

(1) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするcDNAのスクリーニング

293-EBNA細胞(Invitrogen社より購入)を細胞培養用96穴プレートに1 \times 10⁴Cells/wellとなるように、5%FBS存在下のDMEM培地を用い、24時間37℃で培養した(5%CO₂存在下)。次いで、FuGENE6(Roche社より購入)を用いて、pNF κ B-Luc(STRATAGENE社より購入)50ngと、上記実施例1.(4)で調製した完全長cDNA2 μ lを1ウェルに共導入した。導入の方法は添付のプロトコールに従った。24時間37℃で培養後、ロングタームルシフェラーゼアッセイシステム、ピッカジーンLT2.0(東洋インキ社)を用いて添付されている説明書に従い、NF- κ Bのレポーター活性(ルシフェラーゼ活性)を測定した。なおルシフェラーゼ活性は、Perkin Elmer社のWallac ARVOTMST 1420 MULTILABEL COUNTERを用いて行った。

【0123】

(2) ヌクレオチド配列の決定

上記スクリーニングを155000クローン行い、ルシフェラーゼ活性が対照実験（完全長cDNAの代わりに、空ベクターpME18S-FL3を導入した細胞のルシフェラーゼ活性）と比べて5倍以上上昇しているプラスミドを選抜し、まず、クローニングされているcDNAの5'側（シーケンスプライマー：5'-CTTCTGCTCTAAAAGCTGCG-3'（配列番号179）と3'側（シーケンスプライマー：5'-CGACCTGCAGCTCGAGCACA-3'（配列番号180））からそれぞれone-passシーケンスを行ない、できる限り長く決定した。なお、ヌクレオチド配列決定のための試薬や方法は、Thermo Sequenase II Dye Terminator Cycle Sequencing Kit（アマシャム ファルマシア社）、あるいはBigDye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction Kit（アプライドバイオシステムズ社）を用い、ABI PRISM 377シーケンサー、あるいは、ABI PRISM 3100シーケンサーを用い、各々キットに添付されている説明書に従って行なった。

【0124】

(3) 得られたクローンのデータベース解析

得られたヌクレオチド配列について、GenBankに対するBLAST (Basic local alignment search tool) [S. F. Altschul et al., J. Mol. Biol., 215: 403-410 (1990)] 検索を行なった。その結果、147クローンがNF- κ Bを活性化する作用を有する新規のタンパク質をコードする89種類の遺伝子であった。

【0125】

(4) 全長シーケンス

89種類の新規のクローンについて全長ヌクレオチド配列（配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、1

02、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148、150、151、153、155、157、159、161、163、165、167、169、171、173、175または177)を決定し、タンパク質をコードする部分(オープンリーディングフレーム)のアミノ酸配列(配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147、149、152、154、156、158、160、162、164、166、168、170、172、174、176および178)を予想した。

【0126】

(実施例3) NF- κ Bの活性化を阻害する化合物のスクリーニング

293-EBNA細胞を細胞培養用96wellプレートに、 1×10^4 Cells/ 100μ l/wellの細胞数になるように、5%FBS存在下のDMEM培地にまき、5%CO₂存在下、37℃で24時間培養した。次いで、FUGENE6を用いて、上記実施例2で得た、配列番号41のNF- κ Bを活性化作用を有するタンパク質をコードする遺伝子を含有するプラスミド10ngと、レポータープラスミドpNF κ B-Luc50ngを1wellに共導入した。1時間後、プロテアソーム阻害剤であることが知られているMG132(CALBIOCHEMより購入)(Uehara T. et. al. J. Biol. Chem. 274 p15875-15882 (1999)、Wang X C. et al. Invest. Ophthalmol. Vis. Sci. 40 p477-486)を終濃度10 μ Mになるように培養液中に加えた。37℃で24時間培養後、ピッカジーンLT2.0を用いてレポーター活性を測定した

。その結果、MG 1 3 2 はレポーター遺伝子の発現を抑制した（図 1）。

【 0 1 2 7 】

【発明の効果】

本発明により、産業上有用性の高い NF- κ B を活性化する作用を有するタンパク質やそれらの遺伝子が提供された。本発明のタンパク質やそれらの遺伝子により、NF- κ B の過剰な活性化、又は阻害が関与する疾患の治療や予防に有用な化合物のスクリーニング、さらにそのような疾患の診断薬を作製することが可能である。更に本発明の遺伝子は、遺伝子治療に用いられる遺伝子ソースとしても有用である。

【 1 2 8 】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> ASAHI KASEI KABUSHIKI KAISHA

<120> Novel Gene

<130> X13-994

<160> 180

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 167

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Ser Gly Leu Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val
1 5 10 15

Val Tyr Lys Leu Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr
20 25 30

Ser Glu Tyr Pro Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser
35 40 45

Ala Gly Pro Pro Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln
50 55 60

Asn Thr Gly His Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly
65 70 75 80

Gln Gln Gly Tyr Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly
85 90 95

Thr Gly Gly Ile Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr
100 105 110

Pro Phe Ser Asp Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro
115 120 125

Gly Thr Trp Asn Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser
130 135 140

Tyr Ser Val Cys Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly
145 150 155 160

Tyr Gly Gly Thr Arg Arg Arg

165

<210> 2

<211> 1472

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (194)..(694)

<400> 2

aaaaactgtg gtgagctgtg aaggctatga gtcctctgaa gaccagtatg tactaagagg 60

ttcttgtggc ttggagtata atttagatta tacagaactt ggcctgcaga aactgaagga 120

gtctggaaag cagcacggct ttgcctcttt ctctgattat tattataagt ggtcctcggc 180

ggattcctgt aac atg agt gga ttg att acc atc gtg gta ctc ctt ggg 229

Met Ser Gly Leu Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly

1

5

10

atc gcc ttt gta gtc tat aag ctg ttc ctg agt gac ggg cag tat tct 277

Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser

15

20

25

cct cca ccg tac tct gag tat cct cca ttt tcc cac cgt tac cag aga 325
Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg
30 35 40

ttc acc aac tca gca gga cct cct ccc cca ggc ttt aag tct gag ttc 373
Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe
45 50 55 60

aca gga cca cag aat act ggc cat ggt gca act tct ggt ttt ggc agt 421
Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser
65 70 75

gct ttt aca gga caa caa gga tat gaa aat tca gga cca ggg ttc tgg 469
Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp
80 85 90

aca ggc ttg gga act ggt gga ata cta gga tat ttg ttt ggc agc aat 517
Thr Gly Leu Gly Thr Gly Gly Ile Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn
95 100 105

aga gcg gca aca ccc ttc tca gac tcg tgg tac tac ccg tcc tat cct 565
Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro
110 115 120

ccc tcc tac cct ggc acg tgg aat agg gct tac tca ccc ctt cat gga 613
Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly
125 130 135 140

ggc tcg ggc agc tat tcg gta tgt tca aac tca gac acg aaa acc aga 661

Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg

145

150

155

act gca tca gga tat ggt ggt acc agg aga cga taaagtagaa agttggagtc 714

Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Gly Thr Arg Arg Arg

160

165

aaacactgga tgcagaaatt ttggattttt catcactttc tctttagaaa aaaagtacta 774

cctgttaaca attgggaaaa ggggatattc aaaagttcgg tgggtgttatg tccagtgtag 834

ctttttgtat tctattattt gaggctaaaa gttgatgtgt gacaaaatac ttatgtgttg 894

tatgtcagtg taacatgcag atgtatatgg cagtttttga aagtgatcat tactgtggaa 954

tgctaaaaat acattaattt ctaaaacctg tgatgcccta agaagcatta agaatgaagg 1014

tgttgtacta atagaaacta agtacagaaa atttcagttt taggtggttg tagctgatga 1074

gttattacct catagagact gtaatatctt atttggattt atattatttg atgtttgctg 1134

ttcttcaaac atttaaatac agctttggac taattatgct aatttgtgag ttctgatcac 1194

ttttgagctc tgaagctttg aatcattcag tgggtggagat ggccttcttg taactgaata 1254

ttaccttctg taggaaaagg tggaaaataa gcatctagaa ggttgttgtg aatgactctg 1314

tgctggcaaa aatgcttgaa acctctatat ttctttcgtt cataagaggt aaaggtcaaa 1374

tttttcaaca aaagtctttt aataacaaaa gcatgcagtt ctctgtgaaa tctcaaatat 1434

tgttgtaata gtctgtttca atcttaaaaa gaatcaat 1472

<210> 3

<211> 339

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 3

Met Ala Ala Ala Cys Gly Pro Gly Ala Ala Gly Tyr Cys Leu Leu Leu

1 5 10 15

Gly Leu His Leu Phe Leu Leu Thr Ala Gly Pro Ala Leu Gly Trp Asn

20 25 30

Asp Pro Asp Arg Met Leu Leu Arg Asp Val Lys Ala Leu Thr Leu His

35 40 45

Tyr Asp Arg Tyr Thr Thr Ser Arg Arg Leu Asp Pro Ile Pro Gln Leu

50 55 60

Lys Cys Val Gly Gly Thr Ala Gly Cys Asp Ser Tyr Thr Pro Lys Val

65 70 75 80

Ile Gln Cys Gln Asn Lys Gly Trp Asp Gly Tyr Asp Val Gln Trp Glu

85 90 95

Cys Lys Thr Asp Leu Asp Ile Ala Tyr Lys Phe Gly Lys Thr Val Val
100 105 110

Ser Cys Glu Gly Tyr Glu Ser Ser Glu Asp Gln Tyr Val Leu Arg Gly
115 120 125

Ser Cys Gly Leu Glu Tyr Asn Leu Asp Tyr Thr Glu Leu Gly Leu Gln
130 135 140

Lys Leu Lys Glu Ser Gly Lys Gln His Gly Phe Ala Ser Phe Ser Asp
145 150 155 160

Tyr Tyr Tyr Lys Trp Ser Ser Ala Asp Ser Cys Asn Met Ser Gly Leu
165 170 175

Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu
180 185 190

Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro
195 200 205

Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro
210 215 220

Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His
225 230 235 240

Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr
245 250 255

Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly Thr Gly Gly Ile
 260 265 270

Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp
 275 280 285

Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn
 290 295 300

Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys
 305 310 315 320

Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Gly Thr
 325 330 335

Arg Arg Arg

<210> 4

<211> 1924

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (115)..(1131)

<400> 4

gttccttcgc cgccgccagg ggtagcggtg tagctgcgca gcgtcgcgcg cgctaccgca 60

cccaggttcg gcccgtaggc gtctggcagc ccggcgccat cttcatcgag cgcc atg 117

Met

1

gcc gca gcc tgc ggg ccg gga gcg gcc ggg tac tgc ttg ctc ctc ggc 165

Ala Ala Ala Cys Gly Pro Gly Ala Ala Gly Tyr Cys Leu Leu Leu Gly

5

10

15

ttg cat ttg ttt ctg ctg acc gcg ggc cct gcc ctg ggc tgg aac gac 213

Leu His Leu Phe Leu Leu Thr Ala Gly Pro Ala Leu Gly Trp Asn Asp

20

25

30

cct gac aga atg ttg ctg cgg gat gta aaa gct ctt acc ctc cac tat 261

Pro Asp Arg Met Leu Leu Arg Asp Val Lys Ala Leu Thr Leu His Tyr

35

40

45

gac cgc tat acc acc tcc cgc agg ctg gat ccc atc cca cag ttg aaa 309

Asp Arg Tyr Thr Thr Ser Arg Arg Leu Asp Pro Ile Pro Gln Leu Lys

50

55

60

65

tgt gtt gga ggc aca gct ggt tgt gat tct tat acc cca aaa gtc ata 357

Cys Val Gly Gly Thr Ala Gly Cys Asp Ser Tyr Thr Pro Lys Val Ile

70

75

80

cag tgt cag aac aaa ggc tgg gat ggg tat gat gta cag tgg gaa tgt 405

Gln Cys Gln Asn Lys Gly Trp Asp Gly Tyr Asp Val Gln Trp Glu Cys

85

90

95

aag acg gac tta gat att gca tac aaa ttt gga aaa act gtg gtg agc 453
Lys Thr Asp Leu Asp Ile Ala Tyr Lys Phe Gly Lys Thr Val Val Ser
100 105 110

tgt gaa ggc tat gag tcc tct gaa gac cag tat gta cta aga ggt tct 501
Cys Glu Gly Tyr Glu Ser Ser Glu Asp Gln Tyr Val Leu Arg Gly Ser
115 120 125

tgt ggc ttg gag tat aat tta gat tat aca gaa ctt ggc ctg cag aaa 549
Cys Gly Leu Glu Tyr Asn Leu Asp Tyr Thr Glu Leu Gly Leu Gln Lys
130 135 140 145

ctg aag gag tct gga aag cag cac ggc ttt gcc tct ttc tct gat tat 597
Leu Lys Glu Ser Gly Lys Gln His Gly Phe Ala Ser Phe Ser Asp Tyr
150 155 160

tat tat aag tgg tcc tcg gcg gat tcc tgt aac atg agt gga ttg att 645
Tyr Tyr Lys Trp Ser Ser Ala Asp Ser Cys Asn Met Ser Gly Leu Ile
165 170 175

acc atc gtg gta ctc ctt ggg atc gcc ttt gta gtc tat aag ctg ttc 693
Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu Phe
180 185 190

ctg agt gac ggg cag tat tct cct cca ccg tac tct gag tat cct cca 741
Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro Pro
195 200 205

ttt tcc cac cgt tac cag aga ttc acc aac tca gca gga cct cct ccc 789
Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro Pro
210 215 220 225

cca ggc ttt aag tct gag ttc aca gga cca cag aat act ggc cat ggt 837
Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His Gly
230 235 240

gca act tct ggt ttt ggc agt gct ttt aca gga caa caa gga tat gaa 885
Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr Glu
245 250 255

aat tca gga cca ggg ttc tgg aca ggc ttg gga act ggt gga ata cta 933
Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly Thr Gly Gly Ile Leu
260 265 270

gga tat ttg ttt ggc agc aat aga gcg gca aca ccc ttc tca gac tcg 981
Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp Ser
275 280 285

tgg tac tac ccg tcc tat cct ccc tcc tac cct ggc acg tgg aat agg 1029
Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn Arg
290 295 300 305

gct tac tca ccc ctt cat gga ggc tcg ggc agc tat tcg gta tgt tca 1077
Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys Ser
310 315 320

aac tca gac acg aaa acc aga act gca tca gga tat ggt ggt acc agg 1125

Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Gly Thr Arg

325

330

335

aga cga taaagtagaa agttggagtc aaacactgga tgcagaaatt ttggattttt 1181

Arg Arg

catcactttc tctttagaaa aaaagtacta cctgttaaca attgggaaaa ggggatattc 1241

aaaagttcgg tgggtttatg tccagtgtag ctttttgtat tctattattt gaggctaaaa 1301

gttgatgtgt gacaaaatac ttatgtgttg tatgtcagtg taacatgcag atgtatattg 1361

cagtttttga aagtgatcat tactgtggaa tgctaaaaat acattaattt ctaaaacctg 1421

tgatgcccta agaagcatta agaatgaagg tgttgacta atagaaacta agtacagaaa 1481

atttcagttt taggtggttg tagctgatga gttattacct catagagact gtaatattct 1541

atttgggtatt atattatttg atgtttgctg ttcttcaaac atttaaatca agctttggac 1601

taattatgct aatttgtgag ttctgatcac ttttgagctc tgaagctttg aatcattcag 1661

tggtggagat ggccttctgg taactgaata ttaccttctg taggaaaagg tggaaaataa 1721

gcatctagaa gggtgtgttg aatgactctg tgctggcaaa aatgcttgaa acctctatat 1781

ttctttcggt cataagaggt aaaggtcaaa tttttcaaca aaagtcittt aataacaaaa 1841

gcatgcagtt ctcgtgaaa tctcaaata tgttgtaata gtctgtttca atcttaaaaa 1901

gaatcaataa aaacaaacaa ggg 1924

<210> 5

<211> 127

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 5

Met Ala Gly Ala Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile

1 5 10 15

Val Gly Gly Ile Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly

20 25 30

Gly Leu Ile Ala Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val

35 40 45

Lys Cys Val Asp Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val

50 55 60

Pro Trp Gly Pro Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala

65 70 75 80

Ile Pro Arg Glu Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile

85 90 95

Pro Leu Pro His Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe

100

105

110

Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Ser

115

120

125

<210> 6

<211> 702

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (225)..(605)

<400> 6

acaatcacag ctccgggcat tgggggaacc cgagccggct gcgccggggg aatccgtgcg 60

ggcgtcttcc gtcccgttcc catcctcgcc gcgtccagc acctctgaag tttgcagcg 120

cccagaaagg aggcgaggaa ggaggagtg tgtgagagga gggagcaaaa agctcacct 180

aaaacattta tttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgc aaaa atg gct ggg gca 236

Met Ala Gly Ala

1

att ata gaa aac atg agc acc aag aag ctg tgc att gtt ggt ggg att 284

Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile Val Gly Gly Ile

5	10	15	20	
ctg ctc gtg ttc caa atc atc gcc ttt ctg gtg gga ggc ttg att gct	332			
Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly Gly Leu Ile Ala				
25	30	35		
cca ggg ccc aca acg gca gtg tcc tac atg tcg gtg aaa tgt gtg gat	380			
Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val Lys Cys Val Asp				
40	45	50		
gcc cgt aag aac cat cac aag aca aaa tgg ttc gtg cct tgg gga ccc	428			
Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val Pro Trp Gly Pro				
55	60	65		
aat cat tgt gac aag atc cga gac att gaa gag gca att cca agg gaa	476			
Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala Ile Pro Arg Glu				
70	75	80		
att gaa gcc aat gac atc gtg ttt tct gtt cac att ccc ctc ccc cac	524			
Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile Pro Leu Pro His				
85	90	95	100	
atg gag atg agt cct tgg ttc caa ttc atg ctg ttt atc ctg cag ctg	572			
Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu				
105	110	115		
gac att gcc ttc aag cta aac aac caa atc agt taagtgtact ctcctctcat	625			
Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Ser				
120	125			

ccctttcttc cctttgagca ttgccctctt tgggttcttt ttgagccaat tctaataaaa 685

gtaaaaatgg taatagt

702

<210> 7

<211> 233

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 7

Met Ala Gly Ala Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile

1

5

10

15

Val Gly Gly Ile Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly

20

25

30

Gly Leu Ile Ala Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val

35

40

45

Lys Cys Val Asp Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val

50

55

60

Pro Trp Gly Pro Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala

65

70

75

80

Ile Pro Arg Glu Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile

85

90

95

Pro Leu Pro His Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe
100 105 110

Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Arg Glu
115 120 125

Asn Ala Glu Val Ser Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala
130 135 140

Phe Ala Glu Trp Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu
145 150 155 160

Lys Cys Thr Phe Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr
165 170 175

Tyr Glu Cys Asp Val Leu Pro Tyr Ala Gln His Leu His His Tyr Gly
180 185 190

Val Val Leu Glu Glu Asp His His Asp Val Pro Thr Pro Ser Ala Ser
195 200 205

Gly Lys Ser His Leu Cys Pro Trp Asp Phe His Asp Leu Tyr Gln Tyr
210 215 220

Pro Ser Gly Met Val Phe His Arg Val
225 230

<210> 8

<211> 2409

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (225)..(923)

<400> 8

acaatcacag ctccgggcat tgggggaacc cgagccggct gcgccggggg aatccgtgcg 60

ggcgccttcc gtcccgttcc catcctcgcc gcgctccagc acctctgaag ttttgcagcg 120

cccagaaagg aggcgaggaa ggagggagtg tgtgagagga gggagcaaaa agctcaccct 180

aaaacattta tttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgC aaaa atg gct ggg gca 236

Met Ala Gly Ala

1

att ata gaa aac atg agc acc aag aag ctg tgc att gtt ggt ggg att 284

Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile Val Gly Gly Ile

5

10

15

20

ctg ctc gtg ttc caa atc atc gcc ttt ctg gtg gga ggc ttg att gct 332

Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly Gly Leu Ile Ala

25

30

35

cca ggg ccc aca acg gca gtg tcc tac atg tcg gtg aaa tgt gtg gat 380

Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val Lys Cys Val Asp

40

45

50

gcc cgt aag aac cat cac aag aca aaa tgg ttc gtg cct tgg gga ccc 428

Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val Pro Trp Gly Pro

55

60

65

aat cat tgt gac aag atc cga gac att gaa gag gca att cca agg gaa 476

Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala Ile Pro Arg Glu

70

75

80

att gaa gcc aat gac atc gtg ttt tct gtt cac att ccc ctc ccc cac 524

Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile Pro Leu Pro His

85

90

95

100

atg gag atg agt cct tgg ttc caa ttc atg ctg ttt atc ctg cag ctg 572

Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu

105

110

115

gac att gcc ttc aag cta aac aac caa atc aga gaa aat gca gaa gtc 620

Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Arg Glu Asn Ala Glu Val

120

125

130

tcc atg gac gtt tcc ctg gct tac cgt gat gac gcg ttt gct gag tgg 668

Ser Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala Phe Ala Glu Trp

135

140

145

act gaa atg gcc cat gaa aga gta cca cgg aaa ctc aaa tgc acc ttc 716

Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu Lys Cys Thr Phe

150

155

160

aca tct ccc aag act cca gag cat gag ggc cgt tac tat gaa tgt gat 764

Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr Tyr Glu Cys Asp

165

170

175

180

gtc ctt cct tac gcc cag cat ctt cat cat tat ggt gtg gta ttg gag 812

Val Leu Pro Tyr Ala Gln His Leu His His Tyr Gly Val Val Leu Glu

185

190

195

gag gat cac cat gat gtc ccg acc ccc agt gct tct gga aaa agt cat 860

Glu Asp His His Asp Val Pro Thr Pro Ser Ala Ser Gly Lys Ser His

200

205

210

ctt tgc cct tgg gat ttc cat gac ctt tat caa tat ccc agt gga atg 908

Leu Cys Pro Trp Asp Phe His Asp Leu Tyr Gln Tyr Pro Ser Gly Met

215

220

225

gtt ttc cat cgg gtt tgactggacc tggatgctgc tgtttggtga catccgacag 963

Val Phe His Arg Val

230

ggcatcttct atgcgatgct tctgtccttc tggatcatct tctgtggcga gcacatgatg 1023

gatcagcacg agcggaaacca catcgcaggg tattggaagc aagtcggacc cattgccgtt 1083

ggctccttct gcctcttcat atttgacatg tgtgagagag ggggtacaact cacgaatccc 1143

ttctacagta tctggactac agacattgga acagagctgg ccatggcctt catcatcgtg 1203

gctggaatct gcctctgcct ctacttccctg tttctatgct tcatggtatt tcaggtgttt 1263

cggaacatca gtgggaagca gtccagcctg ccagctatga gcaaagtcg gcggctacac 1323

tatgaggggc taatttttag gttcaagttc ctcatgctta tcacctggc ctgcgctgcc 1383

atgactgtca tcttcttcat cgtagtcag gtaacggaag gccattggaa atggggcggc 1443

gtcacagtcc aagtgaacag tgcctttttc acaggcatct atgggatgtg gaatctgtat 1503

gtctttgtc tgatgttctt gtatgcacca tccataaaa actatggaga agaccagtcc 1563

aatggcgatc tgggtgtcca tagtggggaa gaactccagc tcaccaccac taccacccat 1623

gtggacggac cactgagat ctacaagttg acccgcaagg aggcccagga gtaggaggct 1683

gcagcgcccg gctgggacgg tctctccata cccagcccc tctaactaga gtggggagca 1743

tgccagagag agtcaatgt acaaatgaat gcctcatggc tcttagctgt ggtttcttgg 1803

accagcgga tggacatttg tcagtttgcc ttctgacggt agcttttgga ggaagattcc 1863

tgcagccact aatgcattgt gtatgataac aaaaactctg gtatgacaca ttttctgtga 1923

tcattgttaa ttagtgacat agtaacatct gtagcagctg gttagtaaac ctcatgtggg 1983

ggtggggtgg ggggtgtattc ctgggggat ggtttgggcc gaatggggag tggaatat 2043

gacatttttc ctgttttaaa ttctaggata gattttaaca tcctttgcgg tcccagtcca 2103

aggtaggctg gtgtcatagt cttctcactc ctaatccatg accactgttt ttttcctatt 2163

tatatcacca ggtagccac tgagttaata ttttaagttgt caatagataa gtgtccctgt 2223

tttgtggcat aatataactg aatticatga gaagatttat tccaccaggg gtatttcagc 2283

tttgaaacca aatctgtgta tctaatacta accaatctgt tggatgtggg ttttaaaaaa 2343

tgtttgctaa actaccaag taagatttac tgtattaaat ggccttcggg tctgaaaagc 2403

tttttt 2409

<210> 9

<211> 198

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 9

Met Ala Thr Leu Trp Gly Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ser Leu Leu Ser

1

5

10

15

Leu Ser Cys Leu Ala Leu Ser Val Leu Leu Leu Ala Gln Leu Ser Asp

20

25

30

Ala Ala Lys Asn Phe Glu Asp Val Arg Cys Lys Cys Ile Cys Pro Pro

35

40

45

Tyr Lys Glu Asn Ser Gly His Ile Tyr Asn Lys Asn Ile Ser Gln Lys
50 55 60

Asp Cys Asp Cys Leu His Val Val Glu Pro Met Pro Val Arg Gly Pro
65 70 75 80

Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Arg Cys Glu Cys Lys Tyr Glu Glu Arg
85 90 95

Ser Ser Val Thr Ile Lys Val Thr Ile Ile Ile Tyr Leu Ser Ile Leu
100 105 110

Gly Leu Leu Leu Leu Tyr Met Val Tyr Leu Thr Leu Val Glu Pro Ile
115 120 125

Leu Lys Arg Arg Leu Phe Gly His Ala Gln Leu Ile Gln Ser Asp Asp
130 135 140

Asp Ile Gly Asp His Gln Pro Phe Ala Asn Ala His Asp Val Leu Ala
145 150 155 160

Arg Ser Arg Ser Arg Ala Asn Val Leu Asn Lys Val Glu Tyr Ala Gln
165 170 175

Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu Gln Arg Lys Ser Val Phe Asp
180 185 190

Arg His Val Val Leu Ser

195

<210> 10

<211> 1498

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (86)..(679)

<400> 10

gtgcctgagc ctgagcctga gcctgagccc gagccgggag ccggtcgcgg gggctccggg 60

ctgtgggacc gctgggcccc cagcg atg gcg acc ctg tgg gga ggc ctt ctt 112

Met Ala Thr Leu Trp Gly Gly Leu Leu

1

5

cgg ctt ggc tcc ttg ctc agc ctg tcg tgc ctg gcg ctt tcc gtg ctg 160

Arg Leu Gly Ser Leu Leu Ser Leu Ser Cys Leu Ala Leu Ser Val Leu

10

15

20

25

ctg ctg gcg cag ctg tca gac gcc gcc aag aat ttc gag gat gtc aga 208

Leu Leu Ala Gln Leu Ser Asp Ala Ala Lys Asn Phe Glu Asp Val Arg

30

35

40

tgt aaa tgt atc tgc cct ccc tat aaa gaa aat tct ggg cat att tat 256

Cys Lys Cys Ile Cys Pro Pro Tyr Lys Glu Asn Ser Gly His Ile Tyr

45

50

55

aat aag aac ata tct cag aaa gat tgt gat tgc ctt cat gtt gtg gag 304

Asn Lys Asn Ile Ser Gln Lys Asp Cys Asp Cys Leu His Val Val Glu

60

65

70

ccc atg cct gtg cgg ggg cct gat gta gaa gca tac tgt cta cgc tgt 352

Pro Met Pro Val Arg Gly Pro Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Arg Cys

75

80

85

gaa tgc aaa tat gaa gaa aga agc tct gtc aca atc aag gtt acc att 400

Glu Cys Lys Tyr Glu Glu Arg Ser Ser Val Thr Ile Lys Val Thr Ile

90

95

100

105

ata att tat ctc tcc att ttg ggc ctt cta ctt ctg tac atg gta tat 448

Ile Ile Tyr Leu Ser Ile Leu Gly Leu Leu Leu Tyr Met Val Tyr

110

115

120

ctt act ctg gtt gag ccc ata ctg aag agg cgc ctc ttt gga cat gca 496

Leu Thr Leu Val Glu Pro Ile Leu Lys Arg Arg Leu Phe Gly His Ala

125

130

135

cag ttg ata cag agt gat gat gat att ggg gat cac cag cct ttt gca 544

Gln Leu Ile Gln Ser Asp Asp Asp Ile Gly Asp His Gln Pro Phe Ala

140

145

150

aat gca cac gat gtg cta gcc cgc tcc cgc agt cga gcc aac gtg ctg 592

Asn Ala His Asp Val Leu Ala Arg Ser Arg Ser Arg Ala Asn Val Leu

155

160

165

aac aag gta gaa tat gca cag cag cgc tgg aag ctt caa gtc caa gag 640
 Asn Lys Val Glu Tyr Ala Gln Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu
 170 175 180 185

cag cga aag tct gtc ttt gac cgg cat gtt gtc ctc agc taattgggaa 689
 Gln Arg Lys Ser Val Phe Asp Arg His Val Val Leu Ser
 190 195

ttgaattcaa ggtgactaga aagaaacagg cagacaactg gaaagaactg actgggtttt 749
 gctgggtttc attttaatac cttgttgatt tcaccaactg ttgctggaag attcaaaaact 809
 ggaagcaaaa acttgcttga ttttttttct ttgttaacgt aataatagag acatttttaa 869
 aagcacacag ctcaaagtca gccataaagt cttttcctat ttgtgacttt tactaataaa 929
 aataaatctg cctgtaaatt atcttgaagt cctttacctg gaacaagcac tctcttttct 989
 accacatagt tttaacttga ctttcaagat aattttcagg gtttttggtt ttgttggttt 1049
 ttgttggttt gttttggtgg gagaggggag ggatgcctgg gaagtgggta acaacttttt 1109
 tcaagtcact ttactaaaca aacttttgta aatagacctt accttctatt ttcgagtttc 1169
 atttatattt tgcagtgtag ccagcctcat caaagagctg acttactcat ttgacttttg 1229
 cactgactgt attatctggg tatctgctgt gtctgcactt catggtaaac gggatctaaa 1289

atgcctggtg gcttttcaca aaaagcagat tttcttcattg tactgtgatg tctgatgcaa 1349

tgcacccctag aacaaactgg ccatttgcta gtttactcta aagactaac atagtcttgg 1409

tgtgtgtggt cttactcattc ttctagtacc tttaaggaca aatcctaagg acttggacac 1469

ttgcaataaa gaaattttat tttaaacc 1498

<210> 11

<211> 221

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 11

Met Ala Leu Ala Leu Ala Ala Leu Ala Ala Val Glu Pro Ala Cys Gly

1

5

10

15

Ser Arg Tyr Gln Gln Leu Gln Asn Glu Glu Glu Ser Gly Glu Pro Glu

20

25

30

Gln Ala Ala Gly Asp Ala Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Ser Ala Glu

35

40

45

Ser Ala Ala Tyr Phe Asp Tyr Lys Asp Glu Ser Gly Phe Pro Lys Pro

50

55

60

Pro Ser Tyr Asn Val Ala Thr Thr Leu Pro Ser Tyr Asp Glu Ala Glu

65

70

75

80

Arg Thr Lys Ala Glu Ala Thr Ile Pro Leu Val Pro Gly Arg Asp Glu

85

90

95

Asp Phe Val Gly Arg Asp Asp Phe Asp Asp Ala Asp Gln Leu Arg Ile

100

105

110

Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Thr Phe Phe Met Ala Phe Leu Phe

115

120

125

Asn Trp Ile Gly Phe Phe Leu Ser Phe Cys Leu Thr Thr Ser Ala Ala

130

135

140

Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Ser Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp

145

150

155

160

Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Thr Tyr Phe Pro Gly Tyr Phe Asp Gly

165

170

175

Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Val Phe Leu Val Leu Gly Phe Leu Leu Phe

180

185

190

Leu Arg Gly Phe Ile Asn Tyr Ala Lys Val Arg Lys Met Pro Glu Thr

195

200

205

Phe Ser Asn Leu Pro Arg Thr Arg Val Leu Phe Ile Tyr

210

215

220

<210> 12

<211> 1864

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (153)..(815)

<400> 12

ctgagaagag cgtctcgccc gggagcggcg gcggccatcg agaccacccc aaggcgcgtc 60

cccctcggcc tcccagcgct cccaagccgc agcggccgcg ccccttcagc tagctcgctc 120

gctcgctctg cttccctgct gccggctgcg cc atg gcg ttg gcg ttg gcg gcg 173

Met Ala Leu Ala Leu Ala Ala

1

5

ctg gcg gcg gtc gag ccg gcc tgc ggc agc cgg tac cag cag ttg cag 221

Leu Ala Ala Val Glu Pro Ala Cys Gly Ser Arg Tyr Gln Gln Leu Gln

10

15

20

aat gaa gaa gag tct gga gaa cct gaa cag gct gca ggt gat gct cct 269

Asn Glu Glu Glu Ser Gly Glu Pro Glu Gln Ala Ala Gly Asp Ala Pro

25

30

35

cca cct tac agc agc att tct gca gag agc gca gca tat ttt gac tac 317

Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Ser Ala Glu Ser Ala Ala Tyr Phe Asp Tyr

40

45

50

55

aag gat gag tct ggg ttt cca aag ccc cca tct tac aat gta gct aca 365
Lys Asp Glu Ser Gly Phe Pro Lys Pro Pro Ser Tyr Asn Val Ala Thr
60 65 70

aca ctg ccc agt tat gat gaa gcg gag agg acc aag gct gaa gct act 413
Thr Leu Pro Ser Tyr Asp Glu Ala Glu Arg Thr Lys Ala Glu Ala Thr
75 80 85

atc cct ttg gtt cct ggg aga gat gag gat ttt gtg ggt cgg gat gat 461
Ile Pro Leu Val Pro Gly Arg Asp Glu Asp Phe Val Gly Arg Asp Asp
90 95 100

ttt gat gat gct gac cag ctg agg ata gga aat gat ggg att ttc atg 509
Phe Asp Asp Ala Asp Gln Leu Arg Ile Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met
105 110 115

tta act ttt ttc atg gca ttc ctc ttt aac tgg att ggg ttt ttc ctg 557
Leu Thr Phe Phe Met Ala Phe Leu Phe Asn Trp Ile Gly Phe Phe Leu
120 125 130 135

tct ttt tgc ctg acc act tca gct gca gga agg tat ggg gcc att tca 605
Ser Phe Cys Leu Thr Thr Ser Ala Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Ser
140 145 150

gga ttt ggt ctc tct cta att aaa tgg atc ctg att gtc agg ttt tcc 653
Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser
155 160 165

acc tat ttc cct gga tat ttt gat ggt cag tac tgg ctc tgg tgg gtg 701

Thr Tyr Phe Pro Gly Tyr Phe Asp Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Val

170

175

180

ttc ctt gtt tta ggc ttt ctc ctg ttt ctc aga gga ttt atc aat tat 749

Phe Leu Val Leu Gly Phe Leu Leu Phe Leu Arg Gly Phe Ile Asn Tyr

185

190

195

gca aaa gtt cgg aag atg cca gaa act ttc tca aat ctc ccc agg acc 797

Ala Lys Val Arg Lys Met Pro Glu Thr Phe Ser Asn Leu Pro Arg Thr

200

205

210

215

aga gtt ctc ttt att tat taaagatggt ttctggcaaa ggccttcctg 845

Arg Val Leu Phe Ile Tyr

220

catttatgaa ttctctctca agaagcaaga gaacacctgc aggaagtga tcaagatgca 905

gaacacagag gaataatcac ctgctttaaa aaaataaagt actgttgaaa agatcatttc 965

ttctctatttg ttcttaggtg taaaatttta atagttaatg cagaattctg taatcattga 1025

atcattagtg gttaatgttt gaaaaagctc ttgcaatcaa gtctgtgatg tattaataat 1085

gccttatata ttgtttgtag tcattttaag tagcatgagc catgtccctg tagtcggtag 1145

ggggcagtct tgctttattc atcctccatc tcaaaatgaa cttggaatta aatattgtaa 1205

gatatgtata atgctggcca ttttaaaggg gttttctcaa aagttaaact ttgctatga 1265

ctgtgttttt gcacataatc catatttgct gttcaagtta atctagaaat ttattcaatt 1325

ctgtatgaac acctggaagc aaaatcatag tgcaaaaata catttaaggt gtggtcaaaa 1385

ataagtcttt aattggtaaa taataagcat taatttttta tagcctgtat tcacaattct 1445

gcggtacctt attgtaccta agggattcta aagggtgtgt cactgtataa aacagaaagc 1505

actaggatac aaatgaagct taattactaa aatgtaattc ttgacactct ttctataatt 1565

agcgttcttc acccccaccc ccacccccac ccccttatt ttcttttgt ctctggtga 1625

ttaggccaaa gtctgggagt aaggagagga ttaggtactt aggagcaaag aaagaagtag 1685

cttggaaactt ttgagatgat ccctaacata ctgtactact tgcttttaca atgtgttagc 1745

agaaaccagt gggttataat gtagaatgat gtgctttctg cccaagtggc aattcatctt 1805

ggtttgctat gttaaaactg taaatacaac agaacattaa taaatatctc ttgtgtagc 1864

<210> 13

<211> 242

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 13

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn

1	5	10	15
Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser			
20	25	30	
Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu			
35	40	45	
Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val			
50	55	60	
Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro			
65	70	75	80
Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu			
85	90	95	
Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln			
100	105	110	
Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala			
115	120	125	
Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe			
130	135	140	
Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile			
145	150	155	160

Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu
 165 170 175

Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr
 180 185 190

Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu
 195 200 205

Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg
 210 215 220

Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe
 225 230 235 240

Leu Leu

<210> 14

<211> 2324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (13)..(738)

<400> 14

gagccgggca gg atg gat cac cac cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg 51

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val

1

5

10

ctt ctt aat gaa gag gat aac tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca 99

Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro

15

20

25

cct act tca aac cca gca ccg cag att gtg cag gct gcg tct tca gca 147

Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala

30

35

40

45

cca gca ctt gaa act gac tct tcc cct cca cca tat agt agt att act 195

Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr

50

55

60

gtg gaa gta cct aca act tca gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat 243

Val Glu Val Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr

65

70

75

ccc gtg cca cct ccc tat agc gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat 291

Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp

80

85

90

gaa gct gag aag gct aaa gct gct gca atg gca gct gca gca gca gaa 339

Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu

95

100

105

aca tct caa aga att cag gag gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc 387

Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe
 110 115 120 125

agt gat gca gac cag ctc aga gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg 435
 Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu
 130 135 140

gca ttt ttc atg gca ttt att ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc 483
 Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser
 145 150 155

ttc tgt atc acc aat acc ata gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga 531
 Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly
 160 165 170

ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat 579
 Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp
 175 180 185

tat ttt act gga tat ttc aat gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt 627
 Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe
 190 195 200 205

ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta 675
 Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu
 210 215 220

aaa gtc aga aac atg tct gaa agt atg gca gct gct cat aga aca agg 723
 Lys Val Arg Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg

225

230

235

tat ttc ttc tta ttg tagagactgc atcaaccga cttcctttc ttataccaat 778

Tyr Phe Phe Leu Leu

240

gtgaaatttc cagatcatct gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa 838

gacaaattag tgaagaaaag acggagtttc gaaattgaat ggagggtgg tttttgctta 898

caagccattt ctgttcattc ttaagtatc tatatttcatt ttgttttgca catatgcata 958

tgtgcccatt taagatatct gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagttaag 1018

tccagtcaca ttgtgtaaat cagtgtttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag 1078

tcttccagct tgtaaagcc attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa 1138

ttcttaacca tgtcaaatga tttagtttct ggctcttaga ctcatctggc agttctacac 1198

atgaaacatc tttgtttata taggggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg 1258

attgtcaga tttttgaaca tgatatttac attattattt aggaaaactc ttctgtataa 1318

taaccatgca taacttactt tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc 1378

actaatttta aattaagtga actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatatata 1438

cacacacata tatatatatta gaaacgtgag tgtaaagat agaatttggt ttaggacaaa 1498

ttttaaaaa atgtgggaat accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttattttaag 1558

ggacatacta gttttaggga ttttcagatg ggaagctgca ttttaggat tgcccatcct 1618

aagagatcct gcaggaagag attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt 1678

tcaaagttaa ttttctaaat aagataattc tcatttgtgt ttgtctttta aaaggccaat 1738

aaaatatcct tcagtatcat tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa 1798

ataaaatcct gtactatgaa tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa 1858

acatatcctg aactgagata tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg 1918

gcatatagga ctgtggggtc tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg 1978

aatttaattt acattcataa actactatat ttcccatcct gcaaatcatt ttatgtctca 2038

tctgtttttc ctttcgggta tatcttttgt tttgaatacc aacatttaaa atgatgggtat 2098

tttatctttt aaacttaaaa attatttaat acagctatat ggaccttata aaattgattt 2158

cttatttatt attagacatt actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc 2218

catttccaaa aaataaaaatt tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt 2278

cattgtcttt gataaataaa acagttttgt tttgctaata tagcct 2324

<210> 15

<211> 242

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 15

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn

1 5 10 15

Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser

20 25 30

Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu

35 40 45

Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val

50 55 60

Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro

65 70 75 80

Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu

85 90 95

Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln

100 105 110

Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala

115	120	125
Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe		
130	135	140
Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile		
145	150	155
Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu		
165	170	175
Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr		
180	185	190
Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu		
195	200	205
Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg		
210	215	220
Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe		
225	230	235
Leu Leu		

<210> 16

<211> 2324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (13)..(738)

<400> 16

gagccgggca gg atg gat cac cac cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg 51

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val

1

5

10

ctt ctt aat gaa gag gat aac tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca 99

Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro

15

20

25

cct act tca aac cca gca ccg cag att gtg cag gct gtg tct tca gca 147

Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala

30

35

40

45

cca gca ctt gaa act gac tct tcc cct cca cca tat agt agt att act 195

Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr

50

55

60

gtg gaa gta cct aca act tca gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat 243

Val Glu Val Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr

65

70

75

ccc gtg cca cct ccc tat agc gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat 291

Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp

80

85

90

gaa gct gag aag gct aaa gct gct gca atg gca gct gca gca gca gaa 339

Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu

95

100

105

aca tct caa aga att cag gag gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc 387

Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe

110

115

120

125

agt gat gca gac cag ctc aga gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg 435

Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu

130

135

140

gca ttt ttc atg gca ttt att ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc 483

Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser

145

150

155

ttc tgt atc acc aat acc ata gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga 531

Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly

160

165

170

ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat 579

Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp

175

180

185

tat ttt act gga tat ttc aat gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt 627

Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe

190

195

200

205

ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta 675

Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu

210

215

220

aaa gtc aga aac atg tct gaa agt atg gca gct gct cat aga aca agg 723

Lys Val Arg Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg

225

230

235

tat ttc ttc tta ttg tagagactgc atcaaccga cattcctttc ttataccaat 778

Tyr Phe Phe Leu Leu

240

gtgaaatttc cagatcatct gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa 838

gacaaattag tgaagaaaag acggagtctt gaaattgaat ggcaggggtgg tttttgctta 898

caagccattt ctgttcattc tttaagtatc tatatttcatt ttgttttgca catatgcata 958

tgtgcccatt taagatatct gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagtttaag 1018

tccagtcaca ttgggttaat cagtgtttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag 1078

tcttccagct tgtaaatgcc attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa 1138

ttcttaacca tgtcaaata tttagtttct ggctcttaga ctcatctggc agttctacac 1198

atgaaacatc ttttggtata tagggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg 1258

atttgtcaga ttttgaaca tgatat tac attattattt aggaaaactc ttctgtaaa 1318

taaccatgca taacttactt tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc 1378

actaat tttta aattaagtga actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatatata 1438

cacacacata tatatat tta gaaacgtgag tgtaaagat agaatttggt ttaggacaaa 1498

ttttaagaaa atgtgggaat accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttattttaag 1558

ggacatacta gttttaggga ttttcagatg ggaagctgca tttttaggat tgcccatctt 1618

aagagatctt gcaggaagag attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt 1678

tcaaagttaa ttttctaaat aagataattc tcatttggtt ttgtctt tta aaaggccaat 1738

aaaatatctt tcagtatcat tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa 1798

ataaaatctt gtactatgaa tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa 1858

acatatcctg aactgagata tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg 1918

gcatatagga ctgtggggtc tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg 1978

aatttaattt acattcataa actactatat ttcccatctt gcaaatcatt ttatgtctca 2038

tctgtttttc ctttcgggtta tatctttggt tttgaatacc aacatttaaa atgatgggtat 2098

tttatctttt aaacttaaaa attatttaac acagctatat ggaccttata aaattgattt 2158

cttattttatt attagacatt actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc 2218

catttccaaa aaataaaaatt tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt 2278

cattgtcttt gataaataaa acagttttgt ttgctaata tagcct 2324

<210> 17

<211> 336

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 17

Met Ala Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met

1 5 10 15

Leu Asn Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr

20 25 30

Asn Ala Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu

35 40 45

Leu Pro Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro

50 55 60

Ala Ala Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly

65 70 75 80

Glu Asp Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp

85

90

95

His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu

100

105

110

Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro

115

120

125

Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr

130

135

140

Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr

145

150

155

160

Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro

165

170

175

Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala

180

185

190

Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile

195

200

205

Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln

210

215

220

Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala

225	230	235	240
Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn			
245	250	255	
Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu			
260	265	270	
Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr			
275	280	285	
Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu			
290	295	300	
Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met			
305	310	315	320
Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu			
325	330	335	

<210> 18

<211> 2636

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (53)..(1060)

<400> 18

cttactttttc catctectcc caccagcta taccctccca ctggcggcgc gg atg gca 58

Met Ala

1

cgc cgg cgg agc cag cga gtc tgc gcg agc ggt ccg agc atg ctc aat 106

Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met Leu Asn

5

10

15

agc gcg cgc ggc gcc ccg gag ctt ctc cgc gga acc gcg acc aac gcg 154

Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr Asn Ala

20

25

30

gag gtc tcg gcg gcc gct gcg gga gcc aca gga agt gaa gag ctt ccg 202

Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu Leu Pro

35

40

45

50

ccg gga gac cgc ggc tgc agg aac gga ggc gga agg ggc cct gcg gcg 250

Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro Ala Ala

55

60

65

acg acg tcg tcg acg ggg gtg gcc gtg gga gct gag cac gga gaa gac 298

Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly Glu Asp

70

75

80

tcc ctc tct cgg aag ccg gat ccc gag ccg ggc agg atg gat cac cac 346

Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp His His

85

90

95

cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg ctt ctt aat gaa gag gat aac 394
Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn
100 105 110

tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca cct act tca aac cca gca ccg 442
Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro
115 120 125 130

cag att gtg cag gct gtg tct tca gca cca gca ctt gaa act gac tct 490
Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser
135 140 145

tcc cct cca cca tat agt agt att act gtg gaa gta cct aca act tca 538
Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr Thr Ser
150 155 160

gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat ccc gtg cca cct ccc tat agc 586
Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser
165 170 175

gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat gaa gct gag aag gct aaa gct 634
Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala
180 185 190

gct gca atg gca gct gca gca gca gaa aca tct caa aga att cag gag 682
Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu
195 200 205 210

gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc agt gat gca gac cag ctc aga 730

Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg

215

220

225

gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg gca ttt ttc atg gca ttt att 778

Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile

230

235

240

ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc ttc tgt atc acc aat acc ata 826

Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile

245

250

255

gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa 874

Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys

260

265

270

tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat tat ttt act gga tat ttc aat 922

Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn

275

280

285

290

gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt 970

Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu

295

300

305

ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta aaa gtc aga aac atg tct gaa 1018

Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met Ser Glu

310

315

320

agt atg gca gct gct cat aga aca agg tat ttc ttc tta ttg 1060

Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu

325

330

335

tagagactgc atcaaccga cattcctttc ttataccaat gtgaaatttc cagatcatct 1120

gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa gacaaattag tgaagaaaag 1180

acggagtttc gaaattgaat ggcagggtgg tttttgctta caagccattt ctgttcattc 1240

ttaaagtatc tatatttcatt ttgttttgca catatgcata tgtgcccatt taagatatatt 1300

gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagttaag tccagtcaca ttiggttaat 1360

cagtgtttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag tcttcagct tgtaaagcc 1420

attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa ttcttaacca tgtcaaatga 1480

tttagtttct ggctcttaga ctcatctggc agttctacac atgaaacatc tttgtttata 1540

taaggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg attgtcaga ttttgaaca 1600

tgatatttac attattattt aggaaaactc ttctgtaaa taaccatgca taacttactt 1660

tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc actaatttta aattaagtga 1720

actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatataca cacacacata tatatatatta 1780

gaaacgtgag tgttaaagat agaatttggt ttaggacaaa ttttaagaaa atgtgggaat 1840

accaaagtgc ctttataaga aaaataaatt ttgttttaag ggacatacca gttttaggga 1900

ttttcagatg ggaagctgca tttttaggat tgcccatctt aagagatctt gcaggaagag 1960

attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt tcaaagttaa ttttctaaat 2020

aagataattc tcatttgtgt ttgtctttta aaaggccaat aaaatatctt tcagtatcat 2080

tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa ataaaatctt gtactatgaa 2140

tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa acatatcctg aactgagata 2200

tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg gcatatagga ctgtggggtc 2260

tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg aatttaattt acattcataa 2320

actactatat ttcccatctt gcaaatcatt ttatgtctca tctgtttttc ctttcggtta 2380

tatcttttgt tttgaatacc aacatttaa atgatggat tttatctttt aaacttaaaa 2440

attatttaat acagctatat ggacctata aaattgattt cttatttatt attagacatt 2500

actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc catttccaaa aaataaaatt 2560

tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt cattgtcttt gataaataaa 2620

acagttttgt ttgct 2636

<210> 19

<211> 336

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 19

Met Ala Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met

1 5 10 15

Leu Asn Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr

20 25 30

Asn Ala Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu

35 40 45

Leu Pro Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro

50 55 60

Ala Ala Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly

65 70 75 80

Glu Asp Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp

85 90 95

His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu

100 105 110

Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro

115 120 125

Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr
130 135 140

Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr
145 150 155 160

Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro
165 170 175

Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala
180 185 190

Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile
195 200 205

Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln
210 215 220

Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala
225 230 235 240

Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn
245 250 255

Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu
260 265 270

Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr

275	280	285
Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu		
290	295	300
Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met		
305	310	315 320
Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu		
325	330	335

<210> 20
 <211> 2636
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (53)..(1060)

<400> 20
 cttacttttc catctcctcc caccagcta taccctccca ctggcggcgc gg atg gca 58
 Met Ala
 1

cgc cgg cgg agc cag cga gtc tgc gcg agc ggt ccg agc atg ctc aat 106
 Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met Leu Asn
 5 10 15

agc gcg cgc ggc gcc ccg gag ctt ctc cgc gga acc gcg acc aac gcg 154
Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr Asn Ala

20

25

30

gag gtc tcg gcg gcc gct gcg gga gcc aca gga agt gaa gag ctt ccg 202
Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu Leu Pro

35

40

45

50

ccg gga gac cgc ggc tgc agg aac gga ggc gga agg ggc cct gcg gcg 250
Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro Ala Ala

55

60

65

acg acg tcg tcg acg ggg gtg gcc gtg gga gct gag cac gga gaa gac 298
Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly Glu Asp

70

75

80

tcc ctc tct cgg aag ccg gat ccc gag ccg ggc agg atg gat cac cac 346
Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp His His

85

90

95

cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg ctt ctt aat gaa gag gat aac 394
Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn

100

105

110

tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca cct act tca aac cca gca ccg 442
Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro

115

120

125

130

cag att gtg cag gct gcg tct tca gca cca gca ctt gaa act gac tct 490
Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser

135

140

145

tcc cct cca cca tat agt agt att act gtg gaa gta cct aca act tca 538
Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr Thr Ser

150

155

160

gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat ccc gtg cca cct ccc tat agc 586
Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser

165

170

175

gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat gaa gct gag aag gct aaa gct 634
Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala

180

185

190

gct gca atg gca gct gca gca gca gaa aca tct caa aga att cag gag 682
Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu

195

200

205

210

gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc agt gat gca gac cag ctc aga 730
Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg

215

220

225

gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg gca ttt ttc atg gca ttt att 778
Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile

230

235

240

ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc ttc tgt atc acc aat acc ata 826

Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile

245

250

255

gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa 874

Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys

260

265

270

tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat tat ttt act gga tat ttc aat 922

Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn

275

280

285

290

gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt 970

Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu

295

300

305

ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta aaa gtc aga aac atg tct gaa 1018

Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met Ser Glu

310

315

320

agt atg gca gct gct cat aga aca agg tat ttc ttc tta ttg 1060

Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu

325

330

335

tagagactgc atcaaccoga cattcctttc ttataccaat gtgaaatttc cagatcatct 1120

gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa gacaaattag tgaagaaaag 1180

acggagtttc gaaattgaat ggcagggtgg tttttgctta caagccattt ctgttcattc 1240

ttttaagtatc tatatttcat ttgttttgca catatgcata tgtgcccatt taagatatTT 1300
 gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagttaag tccagtcaca ttTggttaat 1360
 cagtgtttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag tcttccagct tgtaaTgcc 1420
 attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa ttcttaacca tgtcaaTga 1480
 tttagtttct ggctcttaga ctcatctggc agttctacac atgaaacatc tttTgttata 1540
 taaggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg attTgtcaga tttttgaaca 1600
 tgatatttac attattattt aggaaaactc ttcctgtaaa taaccatgca taacttactt 1660
 tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc actaatttta aattaagtga 1720
 actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatataca cacacacata tatatattta 1780
 gaaacgtgag tgttaaagat agaatttgTt ttaggacaaa ttttaagaaa atgtgggaat 1840
 accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttgttttaag ggacatacca gttttaggga 1900
 ttttcagatg ggaagctgca ttttaggat tgcccatctt aagagatctt gcaggaagag 1960
 attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt tcaaagttaa ttttctaaat 2020
 aagataattc tcatttTgtt ttgtctttta aaaggccaat aaaatatctt tcagtatcat 2080
 tgtaataatt ttttagagtt taatttTtaa agcttagcaa ataaaatctt gtactatgaa 2140

tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa acatatacctg aactgagata 2200

tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg gcatatagga ctgtggggtc 2260

tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg aatttaattt acattcataa 2320

actactatat ttcccatctt gcaaatacatt ttatgtctca tctgtttttc ctttcggtta 2380

tatcttttgt tttgaatacc aacatttaaa atgatggtat tttatctttt aaacttaaaa 2440

attatttaat acagctatat ggaccttata aaattgattt cttatttatt attagacatt 2500

actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc catttccaaa aaataaaatt 2560

tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt cattgtcttt gataaataaa 2620

acagttttgt tttgct 2636

<210> 21

<211> 76

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 21

Met Val Cys Ile Pro Cys Ile Val Ile Pro Val Leu Leu Trp Ile Tyr

1

5

10

15

Lys Lys Phe Leu Glu Pro Tyr Ile Tyr Pro Leu Val Ser Pro Phe Val

20

25

30

Ser Arg Ile Trp Pro Lys Lys Ala Ile Gln Glu Ser Asn Asp Thr Asn

35

40

45

Lys Gly Lys Val Asn Phe Lys Gly Ala Asp Met Asn Gly Leu Pro Thr

50

55

60

Lys Gly Pro Thr Glu Ile Cys Asp Lys Lys Lys Asp

65

70

75

<210> 22

<211> 1085

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (176)..(403)

<400> 22

gggctagcgg cctgggttgg gctttgtagc tgctccgcag gccagcccg ggccgcgctc 60

gcagagtccct aggcggtgcg cggcctcctg cctcctccct cctcggcggt cgcggcccgc 120

cggcctccgc ggtgcctgcc ttcgctctca gggtgaggag ctcaagcttg ggaaa atg 178

Met

gtg tgc att cct tgt atc gtc att cca gtt ctg ctc tgg atc tac aaa 226

Val Cys Ile Pro Cys Ile Val Ile Pro Val Leu Leu Trp Ile Tyr Lys

5

10

15

aaa ttc ctg gag cca tat ata tac cct ctg gtt tcc ccc ttc gtt agt 274

Lys Phe Leu Glu Pro Tyr Ile Tyr Pro Leu Val Ser Pro Phe Val Ser

20

25

30

cgt ata tgg cct aag aaa gca ata caa gaa tcc aat gat aca aac aaa 322

Arg Ile Trp Pro Lys Lys Ala Ile Gln Glu Ser Asn Asp Thr Asn Lys

35

40

45

ggc aaa gta aac ttt aag ggt gca gac atg aat gga tta cca aca aaa 370

Gly Lys Val Asn Phe Lys Gly Ala Asp Met Asn Gly Leu Pro Thr Lys

50

55

60

65

gga cca aca gaa atc tgt gat aaa aag aaa gac taaagaaatt ttcctaaagg 423

Gly Pro Thr Glu Ile Cys Asp Lys Lys Lys Asp

70

75

accccatcat ttaaaaaatg gacctgataa tatgaagcat cttccttgta attgtctctg 483

acctttttat ctgagaccgg aattcaggat aggagtctag atatttacct gatactaatac 543

aggaaatata tgatatccgt atttaaaatg tagtttagtta tatttaatga cctcattcct 603

aagttccittt ttcgttaatg tagctttcat ttctgttatt gctgtttgaa taatatgatt 663

aaatagaagg tttgtgccag tagacattat gttactaaat cagcacttta aaatctttgg 723
 ttctctaatt catatgaatt tgctgtttgc tctaatttct ttgggtcttt ctaatttgag 783
 tggagtacaa ttttgttggt aaacagtcca gtgaaactgt gcagggaat gaaggtagaa 843
 ttttgggagg taataatgat gtgaaacata aagatttaata aattactgtc caacacagtg 903
 gagcagcttg tccacaaata tagtaattac tatttattgc tctaaggaag attaaaaaaaa 963
 gatagggaaa aggggggaaac ttctttgaaa aatgaaacat ctgttacatt aatgtctaata 1023
 tataaaattt taatccttac tgcatttctt ctgttcctac aaatgtatta aacattcagt 1083
 tt 1085

<210> 23

<211> 84

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 23

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu

1

5

10

15

Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val

20

25

30

Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile

35

40

45

Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Phe Tyr Trp

50

55

60

Met Arg Val Ile Leu Ala Ser Asn Arg Gly Thr Leu Met Glu His Ser

65

70

75

80

Leu Ser Gly Leu

<210> 24

<211> 1593

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (65)..(316)

<400> 24

agcgtcgcct cacgcggagc agagctgagc tgaagcggga cccggagccc gagcagccgc 60

cgcc atg gca atc aaa ttt ctg gaa gtc atc aag ccc ttc tgt gtc atc 109

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile

1

5

10

15

ctg ccg gaa att cag aag cca gag agg aag att cag ttt aag gag aaa 157
Leu Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys

20 25 30

gtg ctg tgg acc gct atc acc ctc ttt atc ttc tta gtg tgc tgc cag 205
Val Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln

35 40 45

att ccc ctg ttt ggg atc atg tct tca gat tca gct gac cct ttc tat 253
Ile Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Phe Tyr

50 55 60

tgg atg aga gtg att cta gcc tct aac aga ggc aca ttg atg gag cac 301
Trp Met Arg Val Ile Leu Ala Ser Asn Arg Gly Thr Leu Met Glu His

65 70 75

tct ctc tct ggc ctt tagggagtcc cctcttagga caggcactgc ccagcagcaa 356
Ser Leu Ser Gly Leu

80

gggcagcaga gttgggtgct aagatcctga ggagctcgag gtttcgagct ggcttttagac 416

attggtggga ccaaggatgt tttgcaggat gccctgatcc taagaagggg gcctgggggt 476

gcgtgcagcc tgcggggag accccactct gtgcacctat tggtctttct agctgactct 536

tctcgttggg cttagagtct gcctgtttct gctagctccg tgttttagtcc acttgggtca 596

tcagctctgc caagctgagc ctggccaagc taggtggaca gacccttgca gtgatgtccg 656

tttgtccaga ttctgccagt catcactgga cacgtctcct cgcagctgcc ctagcaaggg 716

gagacattgt ggtagctatc agacatggac agaaactgac ttagtgctca caagccccta 776

caccttctgg gctgaagatc acccagctgt gttcagaatt ttcttactgt gcttaggact 836

gcacgcaagt gagcagacac caccgacttc ctttctgcgt caccagtgtc gtcagcagag 896

agaggacagc acaggctcaa ggttggtagt gaagtcaggt tcggggtgca tgggctgtgg 956

tggtggtgat cagttgctcc agtgtttgaa ataagaagac tcatgtttat gtctggaata 1016

agttctgttt gtgctgacag gtgaccttgc tggcagtgtc agccaggaaa cagagtgacc 1076

aagggacaag aagggacttg cctaaagcca cccagcaact cagcagcaga accaagatgg 1136

gccccaggct cctccatatg gcccagggt taccacccta tcacacgtgg ctttgtctag 1196

accagtcct gagcagggga gaggtctttg agacctgatg ccttcctacc cacatggttc 1256

tcccactgcc ctgtctgctc tgctgctaca gaggggcagg gcctcccca gccacgctt 1316

aggaatgctt ggcctctggc aggcaggcag ctgtacccaa gctgggtggc agggggctgg 1376

aaggcaccag gcctcaggag gagccccata gtcccgctg cagcctgtaa ccatcggtg 1436

ggccctgcaa ggcccacact cacgccctgt gggatgatgt caggtgggt ggggtggggc 1496

tgaccccagc ttccagggga ctgtcactgt ggacgccaaa atggcataac tgagataagg 1556

tgaataagtg acaaataaag ccagtttttt acaaggt 1593

<210> 25

<211> 179

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 25

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu

1 5 10 15

Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val

20 25 30

Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile

35 40 45

Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Val His Ala

50 55 60

Val Val Tyr Ile Val Phe Met Leu Gly Ser Cys Ala Phe Phe Ser Lys

65 70 75 80

Thr Trp Ile Glu Val Ser Gly Ser Ser Ala Lys Asp Val Ala Lys Gln

85 90 95

Leu Lys Glu Gln Gln Met Val Met Arg Gly His Arg Glu Thr Ser Met
 100 105 110

Val His Glu Leu Asn Arg Tyr Ile Pro Thr Ala Ala Ala Phe Gly Gly
 115 120 125

Leu Cys Ile Gly Ala Leu Ser Val Leu Ala Asp Phe Leu Gly Ala Ile
 130 135 140

Gly Ser Gly Thr Gly Ile Leu Leu Ala Val Thr Ile Ile Tyr Gln Tyr
 145 150 155 160

Phe Glu Ile Phe Val Lys Glu Gln Ser Glu Val Gly Ser Met Gly Ala
 165 170 175

Leu Leu Phe

<210> 26

<211> 1820

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (114)..(650)

<400> 26

gtgtctctcg gcggagctgc tgtgcagtgg aacgcgctgg gccgcgggca gcgtcacctc 60

acgcggagca gagctgagct gaagcgggac ccggagcccg agcagccgcc gcc atg 116

Met

1

gca atc aaa ttt ctg gaa gtc atc aag ccc ttc tgt gtc atc ctg ccg 164

Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu Pro

5

10

15

gaa att cag aag cca gag agg aag att cag ttt aag gag aaa gtg ctg 212

Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val Leu

20

25

30

tgg acc gct atc acc ctc ttt atc ttc tta gtg tgc tgc cag att ccc 260

Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile Pro

35

40

45

ctg ttt ggg atc atg tct tca gat tca gct gac ccg gtc cat gca gtt 308

Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Val His Ala Val

50

55

60

65

gta tac ata gtg ttc atg ctg ggc tcc tgt gca ttc ttc tcc aaa acg 356

Val Tyr Ile Val Phe Met Leu Gly Ser Cys Ala Phe Phe Ser Lys Thr

70

75

80

tgg att gag gtc tca ggt tcc tct gcc aaa gat gtt gca aag cag ctg 404

Trp Ile Glu Val Ser Gly Ser Ser Ala Lys Asp Val Ala Lys Gln Leu

85

90

95

aag gag cag cag atg gtg atg aga ggc cac cga gag acc tcc atg gtc 452

Lys Glu Gln Gln Met Val Met Arg Gly His Arg Glu Thr Ser Met Val

100

105

110

cat gaa ctc aac cgg tac atc ccc aca gcc gcg gcc ttt ggt ggg ctg 500

His Glu Leu Asn Arg Tyr Ile Pro Thr Ala Ala Ala Phe Gly Gly Leu

115

120

125

tgc atc ggg gcc ctc tcg gtc ctg gct gac ttc cta ggc gcc att ggg 548

Cys Ile Gly Ala Leu Ser Val Leu Ala Asp Phe Leu Gly Ala Ile Gly

130

135

140

145

tct gga acc ggg atc ctg ctc gca gtc aca atc atc tac cag tac ttt 596

Ser Gly Thr Gly Ile Leu Leu Ala Val Thr Ile Ile Tyr Gln Tyr Phe

150

155

160

gag atc ttc gtt aag gag caa agc gag gtt ggc agc atg ggg gcc ctg 644

Glu Ile Phe Val Lys Glu Gln Ser Glu Val Gly Ser Met Gly Ala Leu

165

170

175

ctc ttc tgagcccgtc tcccgacag gttgaggaag ctgctccaga agcgcctcgg 700

Leu Phe

aaggggagct ctcatcatgg cgcgtgctgc tgcggcatat ggacttttaa taatgttttt 760

gaatttcgta ttctttcatt ccactgtgta aagtgtaga cattttccaa tttaaaattt 820

tgctttttat cctggcactg gcaaaaagaa ctgtgaaagt gaattttattc agccgactgc 880
 cagagaagtg ggaatggtat aggattgtcc ccaagtgtcc atgtaacttt tgttttaacc 940
 tttgcacctt ctcagtgtg tatgcggctg cagccgtctc acctgtttcc ccacaaaggg 1000
 aattttctcac tctggttgga agcacaaaca ctgaaatgtc tacgtttcat tttggcagta 1060
 ggggtgtgaag ctgggagcag atcatgtatt tcccggagac atgggacctt gctggcatgt 1120
 ctccctcaca atcaggcgtg ggaatatctg gcttaggact gtttctctct aagacaccat 1180
 tgttttcctt tattttaaaa gtgatttttt taaggacaga acttcttcca aaagagaggg 1240
 atggctttcc cagaagacac tctggagacc ttgctggcag tgctagccag gaaacagagt 1300
 gaccaaggga caagaaggga ctgcctaaa gccaccacgc aactcagcag cagaaccaag 1360
 atgggccccca ggctcctcca tatggcccag ggcttaccac cctatcacac gtggccttgt 1420
 ctagaccag tcctgagcag gggagaggct ctgagacct gatgcctcc taccacatg 1480
 gttctccac tgccctgtct gctctgtgc tacaragggg cagggcctcc ccagccac 1540
 gcttaggaat gcttggcctc tggcaggcag gcagctgtac ccaagctggt gggcaggggg 1600
 ctggaaggca ccaggcctca ggaggagccc catagtcccg cctgcagcct gtaaccatcg 1660
 gctgggcctt gcaaggcccc cactcacgcc ctgtgggtga tggtcacggt ggggtgggtgg 1720

gggctgaccc cagcttccag gggactgtca ctgtggacgc caaaatggca taactsasat 1780

aaggtgaata agtgacaaat aaagccagtt ttttacaagg 1820

<210> 27

<211> 279

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 27

Met Glu Ala Val Val Asn Leu Tyr Gln Glu Val Met Lys His Ala Asp

1 5 10 15

Pro Arg Ile Gln Gly Tyr Pro Leu Met Gly Ser Pro Leu Leu Met Thr

20 25 30

Ser Ile Leu Leu Thr Tyr Val Tyr Phe Val Leu Ser Leu Gly Pro Arg

35 40 45

Ile Met Ala Asn Arg Lys Pro Phe Gln Leu Arg Gly Phe Met Ile Val

50 55 60

Tyr Asn Phe Ser Leu Val Ala Leu Ser Leu Tyr Ile Val Tyr Glu Phe

65 70 75 80

Leu Met Ser Gly Trp Leu Ser Thr Tyr Thr Trp Arg Cys Asp Pro Val

85 90 95

Asp Tyr Ser Asn Ser Pro Glu Ala Leu Arg Met Val Arg Val Ala Trp
100 105 110

Leu Phe Leu Phe Ser Lys Phe Ile Glu Leu Met Asp Thr Val Ile Phe
115 120 125

Ile Leu Arg Lys Lys Asp Gly Gln Val Thr Phe Leu His Val Phe His
130 135 140

His Ser Val Leu Pro Trp Ser Trp Trp Trp Gly Val Lys Ile Ala Pro
145 150 155 160

Gly Gly Met Gly Ser Phe His Ala Met Ile Asn Ser Ser Val His Val
165 170 175

Ile Met Tyr Leu Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Phe Gly Pro Val Ala Gln
180 185 190

Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys His Met Thr Ala Ile Gln Leu Ile Gln
195 200 205

Phe Val Leu Val Ser Leu His Ile Ser Gln Tyr Tyr Phe Met Ser Ser
210 215 220

Cys Asn Tyr Gln Tyr Pro Val Ile Ile His Leu Ile Trp Met Tyr Gly
225 230 235 240

Thr Ile Phe Phe Met Leu Phe Ser Asn Phe Trp Tyr His Ser Tyr Thr

245

250

255

Lys Gly Lys Arg Leu Pro Arg Ala Leu Gln Gln Asn Gly Ala Pro Gly

260

265

270

Ile Ala Lys Val Lys Ala Asn

275

<210> 28

<211> 1472

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(955)

<400> 28

gcccagcaga tgaggaagtg gcaggcaggc aggctggccc cggggacttc tctctggccc 60

tgctccctcc gagegctccg ccgttgcccg cctggcccct acggagtcct tagccagg 118

atg gag gct gtt gtg aac ttg tac caa gag gtg atg aag cac gca gat 166

Met Glu Ala Val Val Asn Leu Tyr Gln Glu Val Met Lys His Ala Asp

1

5

10

15

ccc cgg atc cag ggc tac cct ctg atg ggg tcc ccc ttg cta atg acc 214

Pro Arg Ile Gln Gly Tyr Pro Leu Met Gly Ser Pro Leu Leu Met Thr

20

25

30

tcc att ctc ctg acc tac gtg tac ttc gtt ctc tca ctt ggg cct cgc 262

Ser Ile Leu Leu Thr Tyr Val Tyr Phe Val Leu Ser Leu Gly Pro Arg

35

40

45

atc atg gct aat cgg aag ccc ttc cag ctc cgt ggc ttc atg att gtc 310

Ile Met Ala Asn Arg Lys Pro Phe Gln Leu Arg Gly Phe Met Ile Val

50

55

60

tac aac ttc tca ctg gtg gca ctc tcc ctc tac att gtc tat gag ttc 358

Tyr Asn Phe Ser Leu Val Ala Leu Ser Leu Tyr Ile Val Tyr Glu Phe

65

70

75

80

ctg atg tcg ggc tgg ctg agc acc tat acc tgg cgc tgt gac cct gtg 406

Leu Met Ser Gly Trp Leu Ser Thr Tyr Thr Trp Arg Cys Asp Pro Val

85

90

95

gac tat tcc aac agc cct gag gca ctt agg atg gtt cgg gtg gcc tgg 454

Asp Tyr Ser Asn Ser Pro Glu Ala Leu Arg Met Val Arg Val Ala Trp

100

105

110

ctc ttc ctc ttc tcc aag ttc att gag ctg atg gac aca gtg atc ttt 502

Leu Phe Leu Phe Ser Lys Phe Ile Glu Leu Met Asp Thr Val Ile Phe

115

120

125

att ctc cga aag aaa gac ggg cag gtg acc ttc cta cat gtc ttc cat 550

Ile Leu Arg Lys Lys Asp Gly Gln Val Thr Phe Leu His Val Phe His

130

135

140

cac tct gtg ctt ccc tgg agc tgg tgg tgg ggg gta aag att gcc ccg 598
His Ser Val Leu Pro Trp Ser Trp Trp Trp Gly Val Lys Ile Ala Pro
145 150 155 160

gga gga atg ggc tct ttc cat gcc atg ata aac tct tcc gtg cat gtc 646
Gly Gly Met Gly Ser Phe His Ala Met Ile Asn Ser Ser Val His Val
165 170 175

ata atg tac ctg tac tac gga tta tct gcc ttt ggc cct gtg gca caa 694
Ile Met Tyr Leu Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Phe Gly Pro Val Ala Gln
180 185 190

ccc tac ctt tgg tgg aaa aag cac atg aca gcc att cag ctg atc cag 742
Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys His Met Thr Ala Ile Gln Leu Ile Gln
195 200 205

ttt gtc ctg gtc tca ctg cac atc tcc cag tac tac ttt atg tcc agc 790
Phe Val Leu Val Ser Leu His Ile Ser Gln Tyr Tyr Phe Met Ser Ser
210 215 220

tgt aac tac cag tac cca gtc att att cac ctc atc tgg atg tat ggc 838
Cys Asn Tyr Gln Tyr Pro Val Ile Ile His Leu Ile Trp Met Tyr Gly
225 230 235 240

acc atc ttc ttc atg ctg ttc tcc aac ttc tgg tat cac tct tat acc 886
Thr Ile Phe Phe Met Leu Phe Ser Asn Phe Trp Tyr His Ser Tyr Thr
245 250 255

aag ggc aag cgg ctg ccc cgt gca ctt cag caa aat gga gct cca ggt 934

Lys Gly Lys Arg Leu Pro Arg Ala Leu Gln Gln Asn Gly Ala Pro Gly

260

265

270

att gcc aag gtc aag gcc aac tgagaagcat ggcctagata ggcgcccacc 985

Ile Ala Lys Val Lys Ala Asn

275

taagtgcctc aggactgcac cttagggcag tgtccgtcag tgccctctcc acctacacct 1045

gtgaccaagg cttatgtggt caggactgag caggggactg gccctccct cccacagct 1105

gctctacagg gaccacggct ttggttcctc acccacttcc cccgggcagc tccagggatg 1165

tggcctcatt gctgtctgcc actccagagc tgggggctaa aagggtgta cagttatttc 1225

ccccccctg ccttaaaact tgggagagga gcactcaggg ctggccccac aaagggtctc 1285

gtggcctttt tcctcacaca gaagaggta gcaataatgt cactgtggac ccagtctcac 1345

tcctccaccc cacacactga agcagtagct tctgggccaa aggtcagggt gggcgggggc 1405

ctgggaatac agcctgtgga ggctgcttac tcaacttgtg tcttaattaa aagtacaga 1465

ggaaacc

1472

<210> 29

<211> 137

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 29

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu

1 5 10 15

Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu

20 25 30

Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro Val Val Thr Thr Thr Thr Ser

35 40 45

Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro

50 55 60

Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln

65 70 75 80

Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr

85 90 95

Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly

100 105 110

Gly Ala Ala Ala Pro Tyr Pro Ala Ser Gln Pro Pro Tyr Asn Pro Ala

115 120 125

Tyr Met Asp Ala Pro Lys Ala Ala Leu

130

135

<210> 30

<211> 1788

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (145)..(555)

<400> 30

gtgcttcctg tggctgacgt catctggagg agatttgctt tctttttctc caaaagggga 60

ggaaattgaa actgagtggc ccacgatggg aagaggggaa agcccagggg tacaggaggc 120

ctctgggtga aggcagaggc taac atg ggg ttc gga gcg acc ttg gcc gtt 171

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val

1

5

ggc ctg acc atc ttt gtg ctg tct gtc gtc act atc atc atc tgc ttc 219

Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys Phe

10

15

20

25

acc tgc tcc tgc tgc tgc ctt tac aag acg tgc cgc cga cca cgt ccg 267

Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro

30

35

40

gtt gtc acc acc acc aca tcc acc act gtg gtg cat gcc cct tat cct 315

Val Val Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro

45

50

55

cag cct cca agt gtg ccg ccc agc tac cct gga cca agc tac cag ggc 363

Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly

60

65

70

tac cac acc atg ccg cct cag cca ggg atg cca gca gca ccc tac cca 411

Tyr His Thr Met Pro Pro Gln Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro

75

80

85

atg cag tac cca cca cct tac cca gcc cag ccc atg ggc cca ccg gcc 459

Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala

90

95

100

105

tac cac gag acc ctg gct gga gga gca gcc gcg ccc tac ccc gcc agc 507

Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly Gly Ala Ala Ala Pro Tyr Pro Ala Ser

110

115

120

cag cct cct tac aac ccg gcc tac atg gat gcc ccg aag gcg gcc ctc 555

Gln Pro Pro Tyr Asn Pro Ala Tyr Met Asp Ala Pro Lys Ala Ala Leu

125

130

135

tgagcattcc ctggcctctc tggctgccac ttggttatgt tgtgtgtgtg cgtgagtgg 615

gtgcaggcgc ggttccttac gcccatgtg tgctgtgtgt gtccaggcac ggttccttac 675

gcccatgtg tgctgtgtgt gtctgcctg tatatgtggc ttctctgat gctgacaagg 735

tggggaacaa tccttgccag agtgggctgg gaccagactt tgttctcttc ctcacctgaa 795

attatgcttc ctaaaatctc aagccaaact caaagaatgg ggtggtgggg ggcaccctgt 855

gaggtggccc ctgagaggtg ggggcctctc cagggcacat ctggagtctt tctccagctt 915

accctagggt gaccaagtag ggcctgtcac accagggtgg cgcagctttc tgtgtgatgc 975

agatgtgtcc tggtttcggc agcgtagcca gctgctgctt gaggccatgg ctcgtccccg 1035

gagttggggg taccctgtgc agagccaggg acatgatgca ggcgaagctt gggatctggc 1095

caagttggac ttigtatcctt tgggcagatg tccattgct ccttgagacc tgtcatgcct 1155

gttggggatc aggcagcctc ctgatgccag aacacctcag gcagagccct actcagctgt 1215

acctgtctgc ctggactgtc cctgtcccc gcctctcccc tgggaccagc tggagggccca 1275

catgcacaca cagcctagct gccccaggg agctctgctg cccttgctgg ccctgccctt 1335

cccacaggtg agcagggtc ctgtccacca gcacactcag ttctcttccc tgcagtgttt 1395

tcattttatt ttagccaaac attttgctg tttctgttt caaacatkat agttgatatg 1455

agactgaaac ccctgggttg tggagggaaa ttggctcaga gatggacaac ctggcaactg 1515

tgagtccttg ctccccgaca ccagcctcat ggaatatgca acaactcctg taccctcagtc 1575

cacggtgttc tggcagcagg gacacctggg ccaatgggcc atctggacca aaggtggggt 1635

gtggggccct ggatggcagc tctggcccag acatgaatac ctcgtgttcc tctccctct 1695

attactgttt caccagagct gtcttagctc aaatctgttg tgtttctgag tctagggtct 1755

gtacacttgt ttataataaa tgcaatcgtt tgg 1788

<210> 31

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 31

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu

1 5 10 15

Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu

20 25 30

Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro Val Val Thr Thr Thr Thr Ser

35 40 45

Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro

50 55 60

Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln

65 70 75 80

Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr

85

90

95

Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly

100

105

110

Glu Cys Pro Cys Gln Leu

115

<210> 32

<211> 1908

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (91)..(444)

<400> 32

gggggaggaa attgaaactg agtggccac gatgggaaga ggggaaagcc caggggtaca 60

ggaggcctct ggggtgaaggc agaggctaac atg ggg ttc gga gcg acc ttg gcc 114

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala

1

5

gtt ggc ctg acc atc ttt gtg ctg tct gtc gtc act atc atc atc tgc 162

Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys

10

15

20

ttc acc tgc tcc tgc tgc tgc ctt tac aag acg tgc cgc cga cca cgt 210

Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg

25

30

35

40

ccg gtt gtc acc acc acc aca tcc acc act gtg gtg cat gcc cct tat 258

Pro Val Val Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr

45

50

55

cct cag cct cca agt gtg ccg ccc agc tac cct gga cca agc tac cag 306

Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln

60

65

70

ggc tac cac acc atg ccg cct cag cca ggg atg cca gca gca ccc tac 354

Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr

75

80

85

cca atg cag tac cca cca cct tac cca gcc cag ccc atg ggc cca ccg 402

Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro

90

95

100

gcc tac cac gag acc ctg gct ggt gag tgc ccc tgc caa etc 444

Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly Glu Cys Pro Cys Gln Leu

105

110

115

tagccctgcc cgacttcccg agtctctgcc agcatccctc gggcacccat cccaaactac 504

atcactcaac aggctctctgc ccttttctgc ttgcctgcc ctcacacggc agcccacccat 564

gtcacagcc aaccagggtc ctctctgctt tcaggaggag cagccgcgcc ctaccccgcc 624

agccagcctc cttacaaccc ggcctacatg gatgccccga aggcggccct ctgagcattc 684

cctggcctct ctggctgcc a cttggttatg ttgtgtgtgt gcgtgagtgg tgtgcaggcg 744

cggttcctta cgccccatgt gtgctgtgtg tgtccaggca cggttcctta cgccccatgt 804

gtgctgtgtg tgcctgcct gtatatgtgg ctctctctga tgctgacaag gtggggaaca 864

atccttgcca gagtgggctg ggaccagact ttgttctctt cctcacctga aattatgctt 924

cctaaaatct caagccaaac tcaaagaatg ggggtggtggg gggcaccctg tgaggtggcc 984

cctgagaggt gggggcctct ccagggcaca tctggagtgc ttctccagct taccctaggg 1044

tgaccaagta gggcctgtca caccagggtg gcgcagcttt ctgtgtgatg cagatgtgtc 1104

ctggtttcgg cagcgtagcc agctgctgct tgaggccatg gctcgtcccc ggagttgggg 1164

gtacccgttg cagagccagg gacatgatgc aggccaagct tgggatctgg ccaagttgga 1224

ctttgatcct ttgggcagat gtccattgc tccctggagc ctgtcatgcc tgttggggat 1284

caggcagcct cctgatgcca gaacacctca ggcagagccc tactcagctg tacctgtctg 1344

cctggactgt cccctgtccc cgcactctcc ctgggaccag ctggagggcc acatgcacac 1404

acagcctagc tgccccagg gagctctgct gcccttgctg gccctgccct tcccacaggt 1464

gagcagggct cctgtccacc agcacactca gttctcttcc ctgcagtgtt ttcattttat 1524

tttagccaaa cattttgcct gttttctgtt tcaaacatga tagttgatat gagactgaaa 1584

cccctggggtt gtggagggaa attggctcag agatggacaa cctggcaact gtgagtcctt 1644

gcttcccgac accagcctca tggaatatgc aacaactcct gtaccccagt ccacggtgtt 1704

ctggcagcag ggacacctgg gccaatgggc catctggacc aaaggtgggg tgtggggccc 1764

tggatggcag ctctggccca gacatgaata cctcgtgttc ctcctccctc tattactgtt 1824

tcaccagagc tgtcttagct caaatctgtt gtgtttctga gtctagggtc tgtacacttg 1884

tttataataa atgcaatcgt ttgg 1908

<210> 33

<211> 168

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 33

Met Asn Ser Lys Gly Gln Tyr Pro Thr Gln Pro Thr Tyr Pro Val Gln

1

5

10

15

Pro Pro Gly Asn Pro Val Tyr Pro Gln Thr Leu His Leu Pro Gln Ala

20

25

30

Pro Pro Tyr Thr Asp Ala Pro Pro Ala Tyr Ser Glu Leu Tyr Arg Pro

35

40

45

Ser Phe Val His Pro Gly Ala Ala Thr Val Pro Thr Met Ser Ala Ala

50

55

60

Phe Pro Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Pro Met Ala Gln Ser Val Ala Val

65

70

75

80

Gly Pro Leu Gly Ser Thr Ile Pro Met Ala Tyr Tyr Pro Val Gly Pro

85

90

95

Ile Tyr Pro Pro Gly Ser Thr Val Leu Val Glu Gly Gly Tyr Asp Ala

100

105

110

Gly Ala Arg Phe Gly Ala Gly Ala Thr Ala Gly Asn Ile Pro Pro Pro

115

120

125

Pro Pro Gly Cys Pro Pro Asn Ala Ala Gln Leu Ala Val Met Gln Gly

130

135

140

Ala Asn Val Leu Val Thr Gln Arg Lys Gly Asn Phe Phe Met Gly Gly

145

150

155

160

Ser Asp Gly Gly Tyr Thr Ile Trp

165

<210> 34

<211> 1897

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(573)

<400> 34

ctccgaacag gaagaggacg aaaaaaataa ccgtccgcga cgccgagaca aaccggaccc 60

gcaaccacc atg aac agc aaa ggt caa tat cca aca cag cca acc tac cct 111

Met Asn Ser Lys Gly Gln Tyr Pro Thr Gln Pro Thr Tyr Pro

1

5

10

gtg cag cct cct ggg aat cca gta tac cct cag acc ttg cat ctt cct 159

Val Gln Pro Pro Gly Asn Pro Val Tyr Pro Gln Thr Leu His Leu Pro

15

20

25

30

cag gct cca ccc tat acc gat gct cca cct gcc tac tca gag ctc tat 207

Gln Ala Pro Pro Tyr Thr Asp Ala Pro Pro Ala Tyr Ser Glu Leu Tyr

35

40

45

cgt ccg agc ttt gtg cac cca ggg gct gcc aca gtc ccc acc atg tca 255

Arg Pro Ser Phe Val His Pro Gly Ala Ala Thr Val Pro Thr Met Ser

50

55

60

gcc gca ttt cct gga gcc tct ctg tat ctt ccc atg gcc cag tct gtg 303

Ala Ala Phe Pro Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Pro Met Ala Gln Ser Val

65

70

75

gct gtt ggg cct tta ggt tcc aca atc ccc atg gct tat tat cca gtc 351

Ala Val Gly Pro Leu Gly Ser Thr Ile Pro Met Ala Tyr Tyr Pro Val

80

85

90

ggt ccc atc tat cca cct ggc tcc aca gtg ctg gtg gaa gga ggg tat 399

Gly Pro Ile Tyr Pro Pro Gly Ser Thr Val Leu Val Glu Gly Gly Tyr

95

100

105

110

gat gca ggt gcc aga ttt gga gct ggg gct act gct ggc aac att cct 447

Asp Ala Gly Ala Arg Phe Gly Ala Gly Ala Thr Ala Gly Asn Ile Pro

115

120

125

cct cca cct cct gga tgc cct ccc aat gct gct cag ctt gca gtc atg 495

Pro Pro Pro Pro Gly Cys Pro Pro Asn Ala Ala Gln Leu Ala Val Met

130

135

140

cag gga gcc aac gtc ctc gta act cag cgg aag ggg aac ttc ttc atg 543

Gln Gly Ala Asn Val Leu Val Thr Gln Arg Lys Gly Asn Phe Phe Met

145

150

155

ggt ggt tca gat ggt ggc tac acc atc tgg tgaggaacca aggccacctc 593

Gly Gly Ser Asp Gly Gly Tyr Thr Ile Trp

160

165

tgtgccggga aagacatcac ataccttcag cacttctcac aatgtaactg ctttagtcat 653

attaacctga agttgcagtt tagacacatg ttgttggggt gtctttctgg tgcccaaact 713

ttcaggcact ttccaaatit aataaggaac catgtaatgg tagcagtacc tccctaaagc 773

attttgaggt aggggaggta tccattcata aaatgaatgt gggatgaagcc gccctaagga 833

ttttccttta atttctctgg agtaatactg taccatactg gtctttgctt ttagtaataa 893

aacatcaaat taggtttgga gggaactttg atcttcttaa gaattaaagt tgccaaatta 953

ttctgattgg tctttaatct cctttaagtc ttgatatat attacttggt ataaatggaa 1013

cgcattagtt gtctgccttt tcctttccat ccttgcccc acccatccca tctccaaccc 1073

tagtcttcca ttctctcccg ccagtctcca ttgaatcaat ggtgcaggac agaaagccag 1133

tcagactaat ttctttcttt cctcgcactt ctccccactc gtcatctttt aactagtgtt 1193

tcacaaggat cctctgaaac cctctctgtg cccaagtac agatgccatt acttctgctt 1253

tcgtatctcc tcaggcaaaa gtggagggtg ccttatgggc cctcctcata ggttgtctct 1313

gcatacacga acctaaccca aatttgcttt ggtgccagaa aaactgagct atgtttgaac 1373

aaagatgtcg tgcaaactgt actgtgaaca acagttggtt taaaatatga ggggcaagga 1433

ggaggatgca ttccaaaagc ttgattgatg tgttcagagc taaattaaga ggagttttca 1493

gatcaaaaac tggttaccat tttttgtcag agtgtctgat gcggccactc attcggctcc 1553

ccagaattcc tagactgggt taatagggtc atattgtgaa tgtctcacta caaatgact 1613

tgagtccagt gaaatctcat tagggtttaa gaatatttca gggatcctta atgttttgat 1673

ttttgttttc tgaaattgga ttttatttta ttttatctta taatttcagt tcatctaaat 1733

tgtgtgttct gtacatgtga tgtttgactg taccattgac tgttatggaa gttcagcgtt 1793

gtatgtctct ctctacactg tgggtgcactt aacttgtgga atttttatac taaaaatgta 1853

gaataaagac tattttgaag atttgaataa agtgaatgaag ttgc 1897

<210> 35

<211> 455

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 35

Met Ser Phe Leu Ile Asp Ser Ser Ile Met Ile Thr Ser Gln Ile Leu

1

5

10

15

Phe Phe Gly Phe Gly Trp Leu Phe Phe Met Arg Gln Leu Phe Lys Asp

20

25

30

Tyr Glu Ile Arg Gln Tyr Val Val Gln Val Ile Phe Ser Val Thr Phe

35

40

45

Ala Phe Ser Cys Thr Met Phe Glu Leu Ile Ile Phe Glu Ile Leu Gly
 50 55 60

Val Leu Asn Ser Ser Ser Arg Tyr Phe His Trp Lys Met Asn Leu Cys
 65 70 75 80

Val Ile Leu Leu Ile Leu Val Phe Met Val Pro Phe Tyr Ile Gly Tyr
 85 90 95

Phe Ile Val Ser Asn Ile Arg Leu Leu His Lys Gln Arg Leu Leu Phe
 100 105 110

Ser Cys Leu Leu Trp Leu Thr Phe Met Tyr Phe Phe Trp Lys Leu Gly
 115 120 125

Asp Pro Phe Pro Ile Leu Ser Pro Lys His Gly Ile Leu Ser Ile Glu
 130 135 140

Gln Leu Ile Ser Arg Val Gly Val Ile Gly Val Thr Leu Met Ala Leu
 145 150 155 160

Leu Ser Gly Phe Gly Ala Val Asn Cys Pro Tyr Thr Tyr Met Ser Tyr
 165 170 175

Phe Leu Arg Asn Val Thr Asp Thr Asp Ile Leu Ala Leu Glu Arg Arg
 180 185 190

Leu Leu Gln Thr Met Asp Met Ile Ile Ser Lys Lys Lys Arg Met Ala

195

200

205

Met Ala Arg Arg Thr Met Phe Gln Lys Gly Glu Val His Asn Lys Pro

210

215

220

Ser Gly Phe Trp Gly Met Ile Lys Ser Val Thr Thr Ser Ala Ser Gly

225

230

235

240

Ser Glu Asn Leu Thr Leu Ile Gln Gln Glu Val Asp Ala Leu Glu Glu

245

250

255

Leu Ser Arg Gln Leu Phe Leu Glu Thr Ala Asp Leu Tyr Ala Thr Lys

260

265

270

Glu Arg Ile Glu Tyr Ser Lys Thr Phe Lys Gly Lys Tyr Phe Asn Phe

275

280

285

Leu Gly Tyr Phe Phe Ser Ile Tyr Cys Val Trp Lys Ile Phe Met Ala

290

295

300

Thr Ile Asn Ile Val Phe Asp Arg Val Gly Lys Thr Asp Pro Val Thr

305

310

315

320

Arg Gly Ile Glu Ile Thr Val Asn Tyr Leu Gly Ile Gln Phe Asp Val

325

330

335

Lys Phe Trp Ser Gln His Ile Ser Phe Ile Leu Val Gly Ile Ile Ile

340

345

350

Val Thr Ser Ile Arg Gly Leu Leu Ile Thr Leu Thr Lys Phe Phe Tyr
 355 360 365

Ala Ile Ser Ser Ser Lys Ser Ser Asn Val Ile Val Leu Leu Leu Ala
 370 375 380

Gln Ile Met Gly Met Tyr Phe Val Ser Ser Val Leu Leu Ile Arg Met
 385 390 395 400

Ser Met Pro Leu Glu Tyr Arg Thr Ile Ile Thr Glu Val Leu Gly Glu
 405 410 415

Leu Gln Phe Asn Phe Tyr His Arg Trp Phe Asp Val Ile Phe Leu Val
 420 425 430

Ser Ala Leu Ser Ser Ile Leu Phe Leu Tyr Leu Ala His Lys Gln Ala
 435 440 445

Pro Glu Lys Gln Met Ala Pro
 450 455

<210> 36

<211> 1903

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (116)..(1480)

<400> 36

agtccccggt gcagcacctg ggagaaggca gaccgtgtga gggggcctgt ggccccagcg 60

tgctgtggcc tcggggagtg ggaagtggag gcaggagcct tccttacact tcgcc atg 118

Met

1

agt ttc ctc atc gac tcc agc atc atg att acc tcc cag ata cta ttt 166

Ser Phe Leu Ile Asp Ser Ser Ile Met Ile Thr Ser Gln Ile Leu Phe

5

10

15

ttt gga ttt ggg tgg ctt ttc ttc atg cgc caa ttg ttt aaa gac tat 214

Phe Gly Phe Gly Trp Leu Phe Phe Met Arg Gln Leu Phe Lys Asp Tyr

20

25

30

gag ata cgt cag tat gtt gta cag gtg atc ttc tcc gtg acg ttt gca 262

Glu Ile Arg Gln Tyr Val Val Gln Val Ile Phe Ser Val Thr Phe Ala

35

40

45

ttt tct tgc acc atg ttt gag ctc atc atc ttt gaa atc tta gga gta 310

Phe Ser Cys Thr Met Phe Glu Leu Ile Ile Phe Glu Ile Leu Gly Val

50

55

60

65

ttg aat agc agc tcc cgt tat ttt cac tgg aaa atg aac ctg tgt gta 358

Leu Asn Ser Ser Ser Arg Tyr Phe His Trp Lys Met Asn Leu Cys Val

70

75

80

att ctg ctg atc ctg gtt ttc atg gtg cct ttt tac att ggc tat ttt 406
 Ile Leu Leu Ile Leu Val Phe Met Val Pro Phe Tyr Ile Gly Tyr Phe
 85 90 95

att gtg agc aat atc cga cta ctg cat aaa caa cga ctg ctt ttt tcc 454
 Ile Val Ser Asn Ile Arg Leu Leu His Lys Gln Arg Leu Leu Phe Ser
 100 105 110

tgt ctc tta tgg ctg acc ttt atg tat ttc ttc tgg aaa cta gga gat 502
 Cys Leu Leu Trp Leu Thr Phe Met Tyr Phe Phe Trp Lys Leu Gly Asp
 115 120 125

ccc ttt ccc att ctc agc cca aaa cat ggg atc tta tcc ata gaa cag 550
 Pro Phe Pro Ile Leu Ser Pro Lys His Gly Ile Leu Ser Ile Glu Gln
 130 135 140 145

ctc atc agc cgg gtt ggt gtg att gga gtg act ctc atg gct ctt ctt 598
 Leu Ile Ser Arg Val Gly Val Ile Gly Val Thr Leu Met Ala Leu Leu
 150 155 160

tct gga ttt ggt gct gtc aac tgc cca tac act tac atg tct tac ttc 646
 Ser Gly Phe Gly Ala Val Asn Cys Pro Tyr Thr Tyr Met Ser Tyr Phe
 165 170 175

ctc agg aat gtg act gac acg gat att cta gcc ctg gaa cgg cga ctg 694
 Leu Arg Asn Val Thr Asp Thr Asp Ile Leu Ala Leu Glu Arg Arg Leu
 180 185 190

ctg caa acc atg gat atg atc ata agc aaa aag aaa agg atg gca atg 742

Leu Gln Thr Met Asp Met Ile Ile Ser Lys Lys Lys Arg Met Ala Met

195

200

205

gca cgg aga aca atg ttc cag aag ggg gaa gtg cat aac aaa cca tca 790

Ala Arg Arg Thr Met Phe Gln Lys Gly Glu Val His Asn Lys Pro Ser

210

215

220

225

ggt ttc tgg gga atg ata aaa agt gtt acc act tca gca tca gga agt 838

Gly Phe Trp Gly Met Ile Lys Ser Val Thr Thr Ser Ala Ser Gly Ser

230

235

240

gaa aat ctt act ctt att caa cag gaa gtg gat gct ttg gaa gaa tta 886

Glu Asn Leu Thr Leu Ile Gln Gln Glu Val Asp Ala Leu Glu Glu Leu

245

250

255

agc agg cag ctt ttt ctg gaa aca gct gat cta tat gct acc aag gag 934

Ser Arg Gln Leu Phe Leu Glu Thr Ala Asp Leu Tyr Ala Thr Lys Glu

260

265

270

aga ata gaa tac tcc aaa acc ttc aag ggg aaa tat ttt aat ttt ctt 982

Arg Ile Glu Tyr Ser Lys Thr Phe Lys Gly Lys Tyr Phe Asn Phe Leu

275

280

285

ggt tac ttt ttc tct att tac tgt gtt tgg aaa att ttc atg gct acc 1030

Gly Tyr Phe Phe Ser Ile Tyr Cys Val Trp Lys Ile Phe Met Ala Thr

290

295

300

305

atc aat att gtt ttt gat cga gtt ggg aaa acg gat cct gtc aca aga 1078

Ile Asn Ile Val Phe Asp Arg Val Gly Lys Thr Asp Pro Val Thr Arg

310

315

320

ggc att gag atc act gtg aat tat ctg gga atc caa ttt gat gtg aag 1126

Gly Ile Glu Ile Thr Val Asn Tyr Leu Gly Ile Gln Phe Asp Val Lys

325

330

335

ttt tgg tcc caa cac att tcc ttc att ctt gtt gga ata atc atc gtc 1174

Phe Trp Ser Gln His Ile Ser Phe Ile Leu Val Gly Ile Ile Ile Val

340

345

350

aca tcc atc aga gga ttg ctg atc act ctt acc aag ttc ttt tat gcc 1222

Thr Ser Ile Arg Gly Leu Leu Ile Thr Leu Thr Lys Phe Phe Tyr Ala

355

360

365

atc tct agc agt aag tcc tcc aat gtc att gtc ctg cta tta gca cag 1270

Ile Ser Ser Ser Lys Ser Ser Asn Val Ile Val Leu Leu Leu Ala Gln

370

375

380

385

ata atg ggc atg tac ttt gtc tcc tct gtg ctg ctg atc cga atg agt 1318

Ile Met Gly Met Tyr Phe Val Ser Ser Val Leu Leu Ile Arg Met Ser

390

395

400

atg cct tta gaa tac cgc acc ata atc act gaa gtc ctt gga gaa ctg 1366

Met Pro Leu Glu Tyr Arg Thr Ile Ile Thr Glu Val Leu Gly Glu Leu

405

410

415

cag ttc aac ttc tat cac cgt tgg ttt gat gtg atc ttc ctg gtc agc 1414

Gln Phe Asn Phe Tyr His Arg Trp Phe Asp Val Ile Phe Leu Val Ser

420

425

430

gct ctc tct agc ata ctc ttc ctc tat ttg gct cac aaa cag gca cca 1462

Ala Leu Ser Ser Ile Leu Phe Leu Tyr Leu Ala His Lys Gln Ala Pro

435

440

445

gag aag caa atg gca cct tgaacttaag cctactacag actgttagag 1510

Glu Lys Gln Met Ala Pro

450

455

gccagtgggtt tcaaaattta gatataagag gggggaaaaa tggaaccagg gcctgacatt 1570

ttataaaca acaaaatgct atggttagcat ttttcacctt catagcatac tccttccccg 1630

tcaggtgata ctatgaccat gagtagcatc agccagaaca tgagaggagg aactaactca 1690

agacaatact cagcagagag catcccgtgt ggatatgagg ctggtgtaga ggcgagagg 1750

agccaagaaa ctaaagggtga aaaatacact ggaactctgg ggcaagacat gtctatggta 1810

gctgagccaa acacgtagga tttccgtttt aaggttcaca tggaaaagggt tatagctttg 1870

ccttgagatt gactcattaa aatcagagac tgt 1903

<210> 37

<211> 322

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 37

Met Ser Ser Leu Gly Gly Gly Ser Gln Asp Ala Gly Gly Ser Ser Ser
1 5 10 15

Ser Ser Thr Asn Gly Ser Gly Gly Ser Gly Ser Ser Gly Pro Lys Ala
20 25 30

Gly Ala Ala Asp Lys Ser Ala Val Val Ala Ala Ala Ala Pro Ala Ser
35 40 45

Val Ala Asp Asp Thr Pro Pro Pro Glu Arg Arg Asn Lys Ser Gly Ile
50 55 60

Ile Ser Glu Pro Leu Asn Lys Ser Leu Arg Arg Ser Arg Pro Leu Ser
65 70 75 80

His Tyr Ser Ser Phe Gly Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Met
85 90 95

Met Gly Gly Glu Ser Ala Asp Lys Ala Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ala
100 105 110

Ser Leu Leu Ala Asn Gly His Asp Leu Ala Ala Ala Met Ala Val Asp
115 120 125

Lys Ser Asn Pro Thr Ser Lys His Lys Ser Gly Ala Val Ala Ser Leu
130 135 140

Leu Ser Lys Ala Glu Arg Ala Thr Glu Leu Ala Ala Glu Gly Gln Leu

145 150 155 160

Thr Leu Gln Gln Phe Ala Gln Ser Thr Glu Met Leu Lys Arg Val Val

165 170 175

Gln Glu His Leu Pro Leu Met Ser Glu Ala Gly Ala Gly Leu Pro Asp

180 185 190

Met Glu Ala Val Ala Gly Ala Glu Ala Leu Asn Gly Gln Ser Asp Phe

195 200 205

Pro Tyr Leu Gly Ala Phe Pro Ile Asn Pro Gly Leu Phe Ile Met Thr

210 215 220

Pro Ala Gly Val Phe Leu Ala Glu Ser Ala Leu His Met Ala Gly Leu

225 230 235 240

Ala Glu Tyr Pro Met Gln Gly Glu Leu Ala Ser Ala Ile Ser Ser Gly

245 250 255

Lys Lys Lys Arg Lys Arg Cys Gly Met Cys Ala Pro Cys Arg Arg Arg

260 265 270

Ile Asn Cys Glu Gln Cys Ser Ser Cys Arg Asn Arg Lys Thr Gly His

275 280 285

Gln Ile Cys Lys Phe Arg Lys Cys Glu Glu Leu Lys Lys Lys Pro Ser

290 295 300

Ala Ala Leu Glu Lys Val Met Leu Pro Thr Gly Ala Ala Phe Arg Trp

305

310

315

320

Phe Gln

<210> 38

<211> 1448

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (292)..(1257)

<400> 38

tactgctggc ggctggagcg gagcgcaccg cggcgggtggt gcccagagcg gagcgcagct 60

ccctgccccg cccctcccc tcggcctcgc ggcgacggcg gcggtggcgg cttggacgac 120

tcggagagcc gagtgaagac attccacct ggacacctga ccatgtgcct gccctgagca 180

gcgaggccca ccaggcatct ctgttggtgg cagcagggcc aggtcctggt ctgtggaccc 240

tcggcagttg gcaggctccc tctgcagtgg ggtctgggcc tcggccccac c atg tcg 297

Met Ser

1

agc ctc ggc ggt ggc tcc cag gat gcc ggc ggc agt agc agc agc agc 345
 Ser Leu Gly Gly Gly Ser Gln Asp Ala Gly Gly Ser Ser Ser Ser Ser
 5 10 15

acc aat ggc agc ggt ggc agt ggc agc agt ggc cca aag gca gga gca 393
 Thr Asn Gly Ser Gly Gly Ser Gly Ser Ser Gly Pro Lys Ala Gly Ala
 20 25 30

gca gac aag agt gca gtg gtg gct gcc gcc gca cca gcc tca gtg gca 441
 Ala Asp Lys Ser Ala Val Val Ala Ala Ala Ala Pro Ala Ser Val Ala
 35 40 45 50

gat gac aca cca ccc ccc gag cgt cgg aac aag agc ggt atc atc agt 489
 Asp Asp Thr Pro Pro Pro Glu Arg Arg Asn Lys Ser Gly Ile Ile Ser
 55 60 65

gag ccc ctc aac aag agc ctg cgc cgc tcc cgc ccg ctc tcc cac tac 537
 Glu Pro Leu Asn Lys Ser Leu Arg Arg Ser Arg Pro Leu Ser His Tyr
 70 75 80

tct tct ttt ggc agc agt ggt ggt agt ggc ggt ggc agc atg atg ggc 585
 Ser Ser Phe Gly Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Met Met Gly
 85 90 95

gga gag tct gct gac aag gcc act gcg gct gca gcc gct gcc tcc ctg 633
 Gly Glu Ser Ala Asp Lys Ala Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Leu
 100 105 110

ttg gcc aat ggg cat gac ctg gcg gcg gcc atg gcg gtg gac aaa agc 681

Leu Ala Asn Gly His Asp Leu Ala Ala Ala Met Ala Val Asp Lys Ser
 115 120 125 130

aac cct acc tca aag cac aaa agt ggt gct gtg gcc agc ctg ctg agc 729
 Asn Pro Thr Ser Lys His Lys Ser Gly Ala Val Ala Ser Leu Leu Ser
 135 140 145

aag gca gag cgg gcc acg gag ctg gca gcc gag gga cag ctg acg ctg 777
 Lys Ala Glu Arg Ala Thr Glu Leu Ala Ala Glu Gly Gln Leu Thr Leu
 150 155 160

cag cag ttt gcg cag tcc aca gag atg ctg aag cgc gtg gtg cag gag 825
 Gln Gln Phe Ala Gln Ser Thr Glu Met Leu Lys Arg Val Val Gln Glu
 165 170 175

cat ctc ccg ctg atg agc gag gcg ggt gct ggc ctg cct gac atg gag 873
 His Leu Pro Leu Met Ser Glu Ala Gly Ala Gly Leu Pro Asp Met Glu
 180 185 190

gct gtg gca ggt gcc gaa gcc ctc aat ggc cag tcc gac ttc ccc tac 921
 Ala Val Ala Gly Ala Glu Ala Leu Asn Gly Gln Ser Asp Phe Pro Tyr
 195 200 205 210

ctg ggc gct ttc ccc atc aac cca ggc ctc ttc att atg acc ccg gca 969
 Leu Gly Ala Phe Pro Ile Asn Pro Gly Leu Phe Ile Met Thr Pro Ala
 215 220 225

ggt gtg ttc ctg gcc gag agc gcg ctg cac atg gcg ggc ctg gct gag 1017
 Gly Val Phe Leu Ala Glu Ser Ala Leu His Met Ala Gly Leu Ala Glu

230

235

240

tac ccc atg cag gga gag ctg gcc tct gcc atc agc tcc ggc aag aag 1065

Tyr Pro Met Gln Gly Glu Leu Ala Ser Ala Ile Ser Ser Gly Lys Lys

245

250

255

aag cgg aaa cgc tgc ggc atg tgc gcg ccc tgc cgg cgg cgc atc aac 1113

Lys Arg Lys Arg Cys Gly Met Cys Ala Pro Cys Arg Arg Arg Ile Asn

260

265

270

tgc gag cag tgc agc agt tgt agg aat cga aag act ggc cat cag att 1161

Cys Glu Gln Cys Ser Ser Cys Arg Asn Arg Lys Thr Gly His Gln Ile

275

280

285

290

tgc aaa ttc aga aaa tgt gag gaa ctc aaa aag aag cct tcc gct gct 1209

Cys Lys Phe Arg Lys Cys Glu Glu Leu Lys Lys Lys Pro Ser Ala Ala

295

300

305

ctg gag aag gtg atg ctt ccg acg gga gcc gcc ttc cgg tgg ttt cag 1257

Leu Glu Lys Val Met Leu Pro Thr Gly Ala Ala Phe Arg Trp Phe Gln

310

315

320

tgacggcggc ggaacccaaa gctgccctct ccgtgcaatg tcactgctcg tgtggtctcc 1317

agcaagggat tcgggcgaag acaaacggat gcacccgtct ttagaaccaa aaatattctc 1377

tcacagattt cattcctggtt tttatatata tattttttgt tgtcgtttta acatctccac 1437

gtccctagca t

1448

<210> 39

<211> 313

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 39

Met Ala Gly Gln Pro Gly His Met Pro His Gly Gly Ser Ser Asn Asn

1

5

10

15

Leu Cys His Thr Leu Gly Pro Val His Pro Pro Asp Pro Gln Arg His

20

25

30

Pro Asn Thr Leu Ser Phe Arg Cys Ser Leu Ala Asp Phe Gln Ile Glu

35

40

45

Lys Lys Ile Gly Arg Gly Gln Phe Ser Glu Val Tyr Lys Ala Thr Cys

50

55

60

Leu Leu Asp Arg Lys Thr Val Ala Leu Lys Lys Val Gln Ile Phe Glu

65

70

75

80

Met Met Asp Ala Lys Ala Arg Gln Asp Cys Val Lys Glu Ile Gly Leu

85

90

95

Leu Lys Gln Leu Asn His Pro Asn Ile Ile Lys Tyr Leu Asp Ser Phe

100

105

110

Ile Glu Asp Asn Glu Leu Asn Ile Val Leu Glu Leu Ala Asp Ala Gly
 115 120 125

Asp Leu Ser Gln Met Ile Lys Tyr Phe Lys Lys Gln Lys Arg Leu Ile
 130 135 140

Pro Glu Arg Thr Val Trp Lys Tyr Phe Val Gln Leu Cys Ser Ala Val
 145 150 155 160

Glu His Met His Ser Arg Arg Val Met His Arg Asp Ile Lys Pro Ala
 165 170 175

Asn Val Phe Ile Thr Ala Thr Gly Val Val Lys Leu Gly Asp Leu Gly
 180 185 190

Leu Gly Arg Phe Phe Ser Ser Glu Thr Thr Ala Ala His Ser Leu Val
 195 200 205

Gly Thr Pro Tyr Tyr Met Ser Pro Glu Arg Ile His Glu Asn Gly Tyr
 210 215 220

Asn Phe Lys Ser Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Leu Leu Tyr Glu Met
 225 230 235 240

Ala Ala Leu Gln Ser Pro Phe Tyr Gly Asp Lys Met Asn Leu Phe Ser
 245 250 255

Leu Cys Gln Lys Ile Glu Gln Cys Asp Tyr Pro Pro Leu Pro Gly Glu
 260 265 270

His Tyr Ser Glu Lys Leu Arg Glu Leu Val Ser Met Cys Ile Cys Pro
 275 280 285

Asp Pro His Gln Arg Pro Asp Ile Gly Tyr Val His Gln Val Ala Lys
 290 295 300

Gln Met His Ile Trp Met Ser Ser Thr
 305 310

<210> 40

<211> 1597

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (153)..(1091)

<400> 40

ggcggaaccg agctgacggg cgtgcggccg ctgcgccgca aactcgtgtg ggacgcaccg 60

ctccagccgc ccgcgggcca gcgcaccggt cccccagcgg cagccgagcc cgcccgcgcg 120

ccgttcgtgc cctcgtgagg ctggcatgca gg atg gca gga cag ccc ggc cac 173

Met Ala Gly Gln Pro Gly His

1

5

atg ccc cat gga ggg agt tcc aac aac ctc tgc cac acc ctg ggg cct 221

Met Pro His Gly Gly Ser Ser Asn Asn Leu Cys His Thr Leu Gly Pro

10

15

20

gtg cat cct cct gac cca cag agg cat ccc aac acg ctg tct ttt cgc 269

Val His Pro Pro Asp Pro Gln Arg His Pro Asn Thr Leu Ser Phe Arg

25

30

35

tgc tcg ctg gcg gac ttc cag atc gaa aag aag ata ggc cga gga cag 317

Cys Ser Leu Ala Asp Phe Gln Ile Glu Lys Lys Ile Gly Arg Gly Gln

40

45

50

55

ttc agc gag gtg tac aag gcc acc tgc ctg ctg gac agg aag aca gtg 365

Phe Ser Glu Val Tyr Lys Ala Thr Cys Leu Leu Asp Arg Lys Thr Val

60

65

70

gct ctg aag aag gtg cag atc ttt gag atg atg gac gcc aag gcg agg 413

Ala Leu Lys Lys Val Gln Ile Phe Glu Met Met Asp Ala Lys Ala Arg

75

80

85

cag gac tgt gtc aag gag atc ggc ctc ttg aag caa ctg aac cac cca 461

Gln Asp Cys Val Lys Glu Ile Gly Leu Leu Lys Gln Leu Asn His Pro

90

95

100

aat atc atc aag tat ttg gac tcg ttt atc gaa gac aac gag ctg aac 509

Asn Ile Ile Lys Tyr Leu Asp Ser Phe Ile Glu Asp Asn Glu Leu Asn

105

110

115

att gtg ctg gag ttg gct gac gca ggg gac ctc tcg cag atg atc aag 557

Ile Val Leu Glu Leu Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ser Gln Met Ile Lys
120 125 130 135

tac ttt aag aag cag aag cgg ctc atc ccg gag agg aca gta tgg aag 605
Tyr Phe Lys Lys Gln Lys Arg Leu Ile Pro Glu Arg Thr Val Trp Lys
140 145 150

tac ttt gtg cag ctg tgc agc gcc gtg gag cac atg cat tca cgc cgg 653
Tyr Phe Val Gln Leu Cys Ser Ala Val Glu His Met His Ser Arg Arg
155 160 165

gtg atg cac cga gac atc aag cct gcc aac gtg ttc atc aca gcc acg 701
Val Met His Arg Asp Ile Lys Pro Ala Asn Val Phe Ile Thr Ala Thr
170 175 180

ggc gtc gtg aag ctc ggt gac ctt ggt ctg ggc cgc ttc ttc agc tct 749
Gly Val Val Lys Leu Gly Asp Leu Gly Leu Gly Arg Phe Phe Ser Ser
185 190 195

gag acc acc gca gcc cac tcc cta gtg ggg acg ccc tac tac atg tca 797
Glu Thr Thr Ala Ala His Ser Leu Val Gly Thr Pro Tyr Tyr Met Ser
200 205 210 215

ccg gag agg atc cat gag aac gcc tac aac ttc aag tcc gac atc tgg 845
Pro Glu Arg Ile His Glu Asn Gly Tyr Asn Phe Lys Ser Asp Ile Trp
220 225 230

tcc ttg ggc tgt ctg ctg tac gag atg gca gcc ctc cag agc ccc ttc 893
Ser Leu Gly Cys Leu Leu Tyr Glu Met Ala Ala Leu Gln Ser Pro Phe

235

240

245

tat gga gat aag atg aat ctc ttc tcc ctg tgc cag aag atc gag cag 941

Tyr Gly Asp Lys Met Asn Leu Phe Ser Leu Cys Gln Lys Ile Glu Gln

250

255

260

tgt gac tac ccc cca ctc ccc ggg gag cac tac tcc gag aag tta cga 989

Cys Asp Tyr Pro Pro Leu Pro Gly Glu His Tyr Ser Glu Lys Leu Arg

265

270

275

gaa ctg gtc agc atg tgc atc tgc cct gac ccc cac cag aga cct gac 1037

Glu Leu Val Ser Met Cys Ile Cys Pro Asp Pro His Gln Arg Pro Asp

280

285

290

295

atc gga tac gtg cac cag gtg gcc aag cag atg cac atc tgg atg tcc 1085

Ile Gly Tyr Val His Gln Val Ala Lys Gln Met His Ile Trp Met Ser

300

305

310

agc acc tgagcgtgga tgcaccgtgc cttatcaaag ccagcaccac tttgccttac 1141

Ser Thr

ttgagtcgtc ttctcttcga gtggccacct ggtagcctag aacagctaag accacagggt 1201

tcagcagggtt ccccaaaagg ctgccagcc ttacagcaga tgctgaaggc agagcagctg 1261

agggaggggc gctggccaca tgctactgat ggtcagattc caaagtcctt tctttatact 1321

gttgtggaca atctcagctg ggtcaataag ggcaggtggt tcagcgagcc acggcagccc 1381

cctgtatctg gattgtaatg tgaatcttta gggtaattcc tccagtgacc tgtcaaggct 1441

tatgctaaca ggagacttgc aggagaccgt gtgatttgtg tagtgagcct ttgaaaatgg 1501

ttagtaccgg gttcagttta gttcttggtg tcttttcaat caagctgtgt gcttaattta 1561

ctctgttgta aagggataaa gtggaaatca tttttt 1597

<210> 41

<211> 371

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 41

Met Ser His Glu Lys Ser Phe Leu Val Ser Gly Asp Asn Tyr Pro Pro

1 5 10 15

Pro Asn Pro Gly Tyr Pro Gly Gly Pro Gln Pro Pro Met Pro Pro Tyr

20 25 30

Ala Gln Pro Pro Tyr Pro Gly Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Phe Gln

35 40 45

Pro Ser Pro Tyr Gly Gln Pro Gly Tyr Pro His Gly Pro Ser Pro Tyr

50 55 60

Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro

65 70 75 80

Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Glu Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln

85

90

95

Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Ser Pro Phe Pro Pro Asn

100

105

110

Pro Tyr Gly Gln Pro Gln Val Phe Pro Gly Gln Asp Pro Asp Ser Pro

115

120

125

Gln His Gly Asn Tyr Gln Glu Glu Gly Pro Pro Ser Tyr Tyr Asp Asn

130

135

140

Gln Asp Phe Pro Ala Thr Asn Trp Asp Asp Lys Ser Ile Arg Gln Ala

145

150

155

160

Phe Ile Arg Lys Val Phe Leu Val Leu Thr Leu Gln Leu Ser Val Thr

165

170

175

Leu Ser Thr Val Ser Val Phe Thr Phe Val Ala Glu Val Lys Gly Phe

180

185

190

Val Arg Glu Asn Val Trp Thr Tyr Tyr Val Ser Tyr Ala Val Phe Phe

195

200

205

Ile Ser Leu Ile Val Leu Ser Cys Cys Gly Asp Phe Arg Arg Lys His

210

215

220

Pro Trp Asn Leu Val Ala Leu Ser Val Leu Thr Ala Ser Leu Ser Tyr

225 230 235 240

Met Val Gly Met Ile Ala Ser Phe Tyr Asn Thr Glu Ala Val Ile Met

245 250 255

Ala Val Gly Ile Thr Thr Ala Val Cys Phe Thr Val Val Ile Phe Ser

260 265 270

Met Gln Thr Arg Tyr Asp Phe Thr Ser Cys Met Gly Val Leu Leu Val

275 280 285

Ser Met Val Val Leu Phe Ile Phe Ala Ile Leu Cys Ile Phe Ile Arg

290 295 300

Asn Arg Ile Leu Glu Ile Val Tyr Ala Ser Leu Gly Ala Leu Leu Phe

305 310 315 320

Thr Cys Phe Leu Ala Val Asp Thr Gln Leu Leu Leu Gly Asn Lys Gln

325 330 335

Leu Ser Leu Ser Pro Glu Glu Tyr Val Phe Ala Ala Leu Asn Leu Tyr

340 345 350

Thr Asp Ile Ile Asn Ile Phe Leu Tyr Ile Leu Thr Ile Ile Gly Arg

355 360 365

Ala Lys Glu

370

<210> 42

<211> 1781

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (91)..(1203)

<400> 42

attggccatc accgcgcggc cgcgcagcgg acaccgtgcg taccggcctg cggcgcccgg 60

ccaccggggc ggaccgcgga acccgaggcc atg tcc cat gaa aag agt ttt ttg 114

Met Ser His Glu Lys Ser Phe Leu

1

5

gtg tct ggg gac aac tat cct ccc ccc aac cct gga tat ccg ggg ggg 162

Val Ser Gly Asp Asn Tyr Pro Pro Pro Asn Pro Gly Tyr Pro Gly Gly

10

15

20

ccc cag cca ccc atg ccc ccc tat gct cag cct ccc tac cct ggg gcc 210

Pro Gln Pro Pro Met Pro Pro Tyr Ala Gln Pro Pro Tyr Pro Gly Ala

25

30

35

40

cct tac cca cag ccc cct ttc cag ccc tcc ccc tac ggt cag cca ggg 258

Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Phe Gln Pro Ser Pro Tyr Gly Gln Pro Gly

45

50

55

tac ccc cat ggc ccc agc ccc tac ccc caa ggg ggc tac cca cag ggt 306
Tyr Pro His Gly Pro Ser Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly
60 65 70

ccc tac ccc caa ggg ggc tac cca cag ggc ccc tac cca caa gag ggc 354
Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Glu Gly
75 80 85

tac cca cag ggc ccc tac ccc caa ggg ggc tac ccc cag ggg cca tat 402
Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr
90 95 100

ccc cag agc ccc ttc ccc ccc aac ccc tat gga cag cca cag gtc ttc 450
Pro Gln Ser Pro Phe Pro Pro Asn Pro Tyr Gly Gln Pro Gln Val Phe
105 110 115 120

cca gga caa gac cct gac tca ccc cag cat gga aac tac cag gag gag 498
Pro Gly Gln Asp Pro Asp Ser Pro Gln His Gly Asn Tyr Gln Glu Glu
125 130 135

ggt ccc cca tcc tac tat gac aac cag gac ttc cct gcc acc aac tgg 546
Gly Pro Pro Ser Tyr Tyr Asp Asn Gln Asp Phe Pro Ala Thr Asn Trp
140 145 150

gat gac aag agc atc cga cag gcc ttc atc cgc aag gtg ttc cta gtg 594
Asp Asp Lys Ser Ile Arg Gln Ala Phe Ile Arg Lys Val Phe Leu Val
155 160 165

ctg acc ttg cag ctg tcg gtg acc ctg tcc acg gtg tct gtg ttc act 642

Leu Thr Leu Gln Leu Ser Val Thr Leu Ser Thr Val Ser Val Phe Thr

170

175

180

ttt gtt gcg gag gtg aag ggc ttt gtc cgg gag aat gtc tgg acc tac 690

Phe Val Ala Glu Val Lys Gly Phe Val Arg Glu Asn Val Trp Thr Tyr

185

190

195

200

tat gtc tcc tat gct gtc ttc ttc atc tct ctc atc gtc ctc agc tgt 738

Tyr Val Ser Tyr Ala Val Phe Phe Ile Ser Leu Ile Val Leu Ser Cys

205

210

215

tgt ggg gac ttc cgg cga aag cac ccc tgg aac ctt gtt gca ctg tcg 786

Cys Gly Asp Phe Arg Arg Lys His Pro Trp Asn Leu Val Ala Leu Ser

220

225

230

gtc ctg acc gcc agc ctg tcg tac atg gtg ggg atg atc gcc agc ttc 834

Val Leu Thr Ala Ser Leu Ser Tyr Met Val Gly Met Ile Ala Ser Phe

235

240

245

tac aac acc gag gca gtc atc atg gcc gtg ggc atc acc aca gcc gtc 882

Tyr Asn Thr Glu Ala Val Ile Met Ala Val Gly Ile Thr Thr Ala Val

250

255

260

tgc ttc acc gtc gtc atc ttc tcc atg cag acc cgc tac gac ttc acc 930

Cys Phe Thr Val Val Ile Phe Ser Met Gln Thr Arg Tyr Asp Phe Thr

265

270

275

280

tca tgc atg ggc gtg ctc ctg gtg agc atg gtg gtg ctc ttc atc ttc 978

Ser Cys Met Gly Val Leu Leu Val Ser Met Val Val Leu Phe Ile Phe

285

290

295

gcc att ctc tgc atc ttc atc cgg aac cgc atc ctg gag atc gtg tac 1026

Ala Ile Leu Cys Ile Phe Ile Arg Asn Arg Ile Leu Glu Ile Val Tyr

300

305

310

gcc tca ctg ggc gct ctg ctc ttc acc tgc ttc ctc gca gtg gac acc 1074

Ala Ser Leu Gly Ala Leu Leu Phe Thr Cys Phe Leu Ala Val Asp Thr

315

320

325

cag ctg ctg ctg ggg aac aag cag ctg tcc ctg agc cca gaa gag tat 1122

Gln Leu Leu Leu Gly Asn Lys Gln Leu Ser Leu Ser Pro Glu Glu Tyr

330

335

340

gtg ttt gct gcg ctg aac ctg tac aca gac atc atc aac atc ttc ctg 1170

Val Phe Ala Ala Leu Asn Leu Tyr Thr Asp Ile Ile Asn Ile Phe Leu

345

350

355

360

tac atc ctc acc atc att ggc cgc gcc aag gag tagccgagct ccagctcgct 1223

Tyr Ile Leu Thr Ile Ile Gly Arg Ala Lys Glu

365

370

gtgcccgtc aggtggcacg gctggcctgg accctgcccc tggcacggca gtgccagctg 1283

tacttcccct ctctcttctgcccaggcaca gcctaggggaa aaggatgcct ctctccaacc 1343

ctcctgtatg tacactgcag atacttccat ttggaccgc tgtggccaca gcatggcccc 1403

tttagtcctc ccgccccgc caaggggcag caaggccacg tttccgtgcc acctcctgtc 1463

tactcattgt tgcatgagcc ctgtctgccca gcccacccca gggactgggg gcagcaccag 1523

gtcccgggga gagggattga gccaaagaggt gaggggtgcac gtcttcctc ctgtcccagc 1583

tcccagcct ggcgtagagc accctcccc tccccccac cccctggag tgctgccctc 1643

tggggacatg cggagtgggg gtcttatccc tgtgtgagc cctgagggca gagaggatgg 1703

catgtttcag gggaggggga agccttcctc tcaatttggt gtcagtgaat ttccaataaa 1763

tgggatttgc tctctgcc 1781

<210> 43

<211> 393

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 43

Met Ser Asp Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala

1 5 10 15

Ser Ser Pro Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro

20 25 30

Ala Ala Ser Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu

35 40 45

Arg Cys Leu Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu

50

55

60

Gln Ser Arg Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr

65

70

75

80

Leu Arg Leu Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg

85

90

95

Gln Gly Leu Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met

100

105

110

Glu Gly Ala Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg

115

120

125

Lys Ala Gly Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln

130

135

140

Glu Glu Val Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala

145

150

155

160

Met Thr Phe Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala

165

170

175

Tyr Met Val Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val

180

185

190

Leu Val His Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu

195

200

205

Cys Arg Thr Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser
210 215 220

Lys His Glu Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr
225 230 235 240

His Thr Thr Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly
245 250 255

Val Asp Ile Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly
260 265 270

Tyr Asn Leu Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala
275 280 285

Asn Leu Leu Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr
290 295 300

Trp Trp Asn Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn
305 310 315 320

Arg Ala Val Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu
325 330 335

Leu Val Ser Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly
340 345 350

His Ile Lys Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala

355

360

365

Asp Ala Met Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu

370

375

380

Leu Val Pro Gly Pro Glu Lys Glu Asn

385

390

<210> 44

<211> 2396

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (50)..(1228)

<400> 44

agctgtgcac tctccatcca gctgtgcgct ctcgtcggga gtcccagcc atg tcc gac 58

Met Ser Asp

1

gag aga gag gta gcc gag gca gcg acc ggg gaa gac gcc tct tcg ccg 106

Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala Ser Ser Pro

5

10

15

cct ccg aaa acc gag gca gcg agc gac ccc cag cat ccc gcg gcc tcc 154

Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro Ala Ala Ser

20	25	30	35	
gaa ggg gcc gcc gcc gcc gcc gcc tcg ccg cca ctg ctg cgc tgc cta				202
Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu Arg Cys Leu				
	40	45	50	
gtg ctc acc ggc ttt gga ggc tac gac aag gtg aag ctg cag agc cgg				250
Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu Gln Ser Arg				
	55	60	65	
ccg gca gcg ccc ccg gcc cct ggg ccc ggc cag ctg acg ctg cgt ctg				298
Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr Leu Arg Leu				
	70	75	80	
cgg gcc tgc ggg ctc aac ttc gca gac ctc atg gct agg cag ggg ctg				346
Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg Gln Gly Leu				
	85	90	95	
tac gac cgt ctc ccg cct ctg cct gtc act ccg ggc atg gag ggc gcg				394
Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met Glu Gly Ala				
100	105	110	115	
ggt gtt gtg atc gca gtg ggc gag gga gtc agc gac cgc aag gca gga				442
Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg Lys Ala Gly				
	120	125	130	
gac cgg gtg atg gtg ttg aac cgg tca ggg atg tgg cag gaa gag gtg				490
Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln Glu Glu Val				
	135	140	145	

act gtg ccc tcg gtc cag acc ttc ctg att cct gag gcc atg acc ttt 538

Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala Met Thr Phe

150

155

160

gag gaa gct gct gcc ttg ctc gtc aat tac att aca gcc tac atg gtc 586

Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala Tyr Met Val

165

170

175

ctc ttt gac ttc ggc aac cta cag cct ggc cac agc gtc ttg gta cac 634

Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val Leu Val His

180

185

190

195

atg gct gca ggg ggt gtg ggt atg gct gcc gtg cag ctg tgc cgt aca 682

Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu Cys Arg Thr

200

205

210

gtg gag aat gtg aca gtg ttc gga acg gcc tcg gcc agc aag cac gag 730

Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser Lys His Glu

215

220

225

gca ctg aag gag aat ggg gtc aca cat ccc atc gac tat cac acg act 778

Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr His Thr Thr

230

235

240

gac tac gtg gat gag atc aag aag att tcc cct aaa gga gtg gac att 826

Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly Val Asp Ile

245

250

255

gtc atg gac cct ctg ggt ggg tca gat act gcc aag ggc tac aac ctc 874
 Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly Tyr Asn Leu
 260 265 270 275

ctg aaa ccc atg ggc aaa gtc gtc acc tat gga atg gcc aac ctg ctg 922
 Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala Asn Leu Leu
 280 285 290

acg ggc ccc aaa cgg aac ctg atg gcc ctg gcc cgg aca tgg tgg aat 970
 Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr Trp Trp Asn
 295 300 305

cag ttc agc gtg aca gct ctg cag ctg ctg cag gcc aac cgg gct gtg 1018
 Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn Arg Ala Val
 310 315 320

tgt ggc ttc cac ctg ggc tac ctg gat ggt gag gtg gag ctg gtc agt 1066
 Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu Leu Val Ser
 325 330 335

ggt gtg gtg gcc cgc ctc ctg gct ctg tac aac cag ggc cac atc aag 1114
 Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly His Ile Lys
 340 345 350 355

ccc cac att gac tca gtc tgg ccc ttc gag aag gtg gct gat gcc atg 1162
 Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala Asp Ala Met
 360 365 370

aaa cag atg cag gag aag aag aat gtg ggc aag gtc ctc ctg gtt cca 1210

Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu Leu Val Pro

375

380

385

ggg cca gag aag gag aac tagggcaagt ggctgtgaga ccctagagac 1258

Gly Pro Glu Lys Glu Asn

390

cagcgaaggg agaagttggg aagctacgtt ctgttgcca ccagacttgc atttcagcct 1318

ctgtcataat gctctgcct cctcccccg aagttctctg tggatgatgac cgctctcccc 1378

tgccccctcc cgcttctga cctctgaaga ggttggaag tgaccatttg gatgtctggg 1438

ccctgccaag gcgacaggga gggtcagagg gaggccggt gcttctgcc cccacccttt 1498

ccccgggcct gctgtgctgc ttttgtcca aggttagcca gtccccctg ttgtgttcca 1558

tgtgctttca cctctgcctc atctttcctc ccgtccctgc cccgccacct ccccaaagaa 1618

ttgaaacgtc agctcaggat atggggccaa tctctgtgag tccagcatgt acctgtctct 1678

ccctagtgtc ccttcagcct gggctgacca gtgcccgcct ctgggcttga ccagttccca 1738

atctcgtcct ctgtcccaa cttcttaagc acaattgggc ttcttccatc tccaggtttt 1798

ctgccattct taaccaaggc agccccaaagc ctctgggga ggcagggcaa aaacaggtgc 1858

cctcatcgtg gtctgtgcca tgtcccgtct ctatggtggt tgaggagaaa ggcggggaag 1918

cttcctcagc cttgcagata tgtgtggcat ttactagcca gagctctgaa aggcagtgt 1978

gtctgtttct tgtactggga ccaaagtaaa aatccaagca cattccccctt gcagtttaggg 2038

gaggccctac tgccttctca aagcagagag gcagcttata aaactcagcc caaaactctg 2098

tttacctggg tggggagatg gagcagggaa gtacagagtg ggatggtcag gacctgggcc 2158

attgcaacca aaatggggac ttcttgggta gggaggtcac tccctctact cactgagcta 2218

ggattagga gggttattgc cccaaccatt gcaatgggag gtggaggagc aggcctcagcc 2278

tcctcattgt ctaaagtagg cctaaatgtg tgaagtgcga tttctgcttt tgtgtacccc 2338

accaccccat taccacagct gcctttgtgt gtttgtgtca ataaaaagcc aaaccctg 2396

<210> 45

<211> 393

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 45

Met Ser Asp Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala

1

5

10

15

Ser Ser Pro Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro

20

25

30

Ala Ala Ser Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu
35 40 45

Arg Cys Leu Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu
50 55 60

Gln Ser Arg Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr
65 70 75 80

Leu Arg Leu Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg
85 90 95

Gln Gly Leu Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met
100 105 110

Glu Gly Ala Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg
115 120 125

Lys Ala Gly Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln
130 135 140

Glu Glu Val Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala
145 150 155 160

Met Thr Phe Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala
165 170 175

Tyr Met Val Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val
180 185 190

Leu Val His Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu
195 200 205

Cys Arg Thr Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser
210 215 220

Lys His Glu Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr
225 230 235 240

His Thr Thr Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly
245 250 255

Val Asp Ile Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly
260 265 270

Tyr Asn Leu Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala
275 280 285

Asn Leu Leu Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr
290 295 300

Trp Trp Asn Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn
305 310 315 320

Arg Ala Val Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu
325 330 335

Leu Val Ser Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly

340

345

350

His Ile Lys Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala

355

360

365

Asp Ala Met Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu

370

375

380

Leu Val Pro Gly Pro Glu Lys Gln Asn

385

390

<210> 46

<211> 2396

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (50)..(1228)

<400> 46

agctgtgcac tctccatcca gctgtgcgct ctcgtcggga gtcccagcc atg tcc gac 58

Met Ser Asp

1

gag aga gag gta gcc gag gca gcg acc ggg gaa gac gcc tct tcg ccg 106

Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala Ser Ser Pro

5

10

15

cct ccg aaa acc gag gca gcg agc gac ccc cag cat ccc gcg gcc tcc 154
 Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro Ala Ala Ser
 20 25 30 35

gaa ggg gcc gcc gcc gcc gcc gcc tcg ccg cca ctg ctg cgc tgc cta 202
 Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu Arg Cys Leu
 40 45 50

gtg ctc acc ggc ttt gga ggc tac gac aag gtg aag ctg cag agc cgg 250
 Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu Gln Ser Arg
 55 60 65

ccg gca gcg ccc ccg gcc cct ggg ccc ggc cag ctg acg ctg cgt ctg 298
 Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr Leu Arg Leu
 70 75 80

cgg gcc tgc ggg ctc aac ttc gca gac ctc atg gct agg cag ggg ctg 346
 Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg Gln Gly Leu
 85 90 95

tac gac cgt ctc ccg cct ctg cct gtc act ccg ggc atg gag ggc gcg 394
 Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met Glu Gly Ala
 100 105 110 115

ggt gtt gtg atc gca gtg ggc gag gga gtc agc gac cgc aag gca gga 442
 Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg Lys Ala Gly
 120 125 130

gac cgg gtg atg gtg ttg aac cgg tca ggg atg tgg cag gaa gag gtg 490

Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln Glu Glu Val

135

140

145

act gtg ccc tcg gtc cag acc ttc ctg att cct gag gcc atg acc ttt 538

Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala Met Thr Phe

150

155

160

gag gaa gct gct gcc ttg ctc gtc aat tac att aca gcc tac atg gtc 586

Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala Tyr Met Val

165

170

175

ctc ttt gac ttc ggc aac cta cag cct ggc cac agc gtc ttg gta cac 634

Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val Leu Val His

180

185

190

195

atg gct gca ggg ggt gtg ggt atg gct gcc gtg cag ctg tgc cgt aca 682

Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu Cys Arg Thr

200

205

210

gtg gag aat gtg aca gtg ttc gga acg gcc tcg gcc agc aag cac gag 730

Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser Lys His Glu

215

220

225

gca ctg aag gag aat ggg gtc aca cat ccc atc gac tat cac acg act 778

Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr His Thr Thr

230

235

240

gac tac gtg gat gag atc aag aag att tcc cct aaa gga gtg gac att 826

Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly Val Asp Ile

245

250

255

gtc atg gac cct ctg ggt ggg tca gat act gcc aag ggc tac aac ctc 874

Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly Tyr Asn Leu

260

265

270

275

ctg aaa ccc atg ggc aaa gtc gtc acc tat gga atg gcc aac ctg ctg 922

Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala Asn Leu Leu

280

285

290

acg ggc ccc aaa cgg aac ctg atg gcc ctg gcc cgg aca tgg tgg aat 970

Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr Trp Trp Asn

295

300

305

cag ttc agc gtg aca gct ctg cag ctg ctg cag gcc aac cgg gct gtg 1018

Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn Arg Ala Val

310

315

320

tgt ggc ttc cac ctg ggc tac ctg gat ggt gag gtg gag ctg gtc agt 1066

Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu Leu Val Ser

325

330

335

ggt gtg gtg gcc cgc ctc ctg gct ctg tac aac cag ggc cac atc aag 1114

Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly His Ile Lys

340

345

350

355

ccc cac att gac tca gtc tgg ccc ttc gag aag gtg gct gat gcc atg 1162

Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala Asp Ala Met

360

365

370

aaa cag atg cag gag aag aag aat gtg ggc aag gtc ctc ctg gtt cca 1210

Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu Leu Val Pro

375

380

385

ggg cca gag aag cag aac tagggcaagt ggctgtgaga ccctagagac 1258

Gly Pro Glu Lys Gln Asn

390

cagcgaaggg agaagttggg aagctacgtt ctgttggcca ccagacttgc atttcagcct 1318

ctgtcataat gctctgcctt ccttcccccg aagttctctg tggatgatgac cgctctcccc 1378

tgccccctccc cgcttctga cctctgaaga ggttgggaag tgaccatttg gatgtctggg 1438

ccctgccaaag gcgacaggga gggtcagagg gaggcggct gcttctgcc cccacccttt 1498

ccccgggcct gctgtgctgc ttttgtgcca aggttagcca gtccccctg ttgtgttcca 1558

tgtgctttca cctctgcctc atcttctc cgttctgc cccgccacct ccccaaagaa 1618

ttgaaacgtc agctcaggat atggggccaa tctctgtgag tccagcatgt acctgtctct 1678

ccctagtgtc ccttcagcct gggtgacca gtgcccgcct ctgggcttga ccagttccca 1738

atctcgtcct ctgtccccaa cttcttaagc acaattgggc ttcttccatc tccaggtttt 1798

ctgccattct taaccaaggc agccccaagc ctcttgggga ggcagggcaa aaacaggtgc 1858

cctcatcgtg gtctgtgcca tgtcccgctct ctatggtggt tgaggagaaa ggcggggaag 1918

cttcctcagc cttgcagata tgtgtggcat ttactagcca gagctctgaa aggcagtgct 1978

gtctgtttct tgtactggga ccaaagtaaa aatccaagca cattcccctt gcagttaggg 2038

gaggccctac tgccttctca aagcagagag gcagcttatc aaactcagcc caaaactctg 2098

tttacatggg tggggagatg gagcagggaa gtacagagtg ggatggtcag gacctgggcc 2158

attgcaacca aaatggggac ttcctgggta gggaggtcac tccctctact cactgagcta 2218

ggattaggga gggttattgc cccaaccatt gcaatgggag gtggagggac aggctcagcc 2278

tcctcattgt ctaaatgagg cctaaatgtg tgaagtgcga tttctgcttt tgtgtacccc 2338

accaccccat taccacagct gcctttgtgt gtttgtgtca ataaaaagcc aaacctg 2396

<210> 47

<211> 138

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 47

Met Ile Ser Leu Thr Asp Thr Gln Lys Ile Gly Met Gly Leu Thr Gly

1

5

10

15

Phe Gly Val Phe Phe Leu Phe Phe Gly Met Ile Leu Phe Phe Asp Lys

20

25

30

Ala Leu Leu Ala Ile Gly Asn Val Leu Phe Val Ala Gly Leu Ala Phe

35

40

45

Val Ile Gly Leu Glu Arg Thr Phe Arg Phe Phe Phe Gln Lys His Lys

50

55

60

Met Lys Ala Thr Gly Phe Phe Leu Gly Gly Val Phe Val Val Leu Ile

65

70

75

80

Gly Trp Pro Leu Ile Gly Met Ile Phe Glu Ile Tyr Gly Phe Phe Leu

85

90

95

Leu Phe Arg Gly Phe Phe Pro Val Val Val Gly Phe Ile Arg Arg Val

100

105

110

Pro Val Leu Gly Ser Leu Leu Asn Leu Pro Gly Ile Arg Ser Phe Val

115

120

125

Asp Lys Val Gly Glu Ser Asn Asn Met Val

130

135

<210> 48

<211> 2976

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (110)..(523)

<400> 48

agacgtggcg gctctgcct gggctgttc ccggttcat ttctcccgac tcagcttccc 60

accctgggct ttccgagggtg ctgtcgccgc tgtccccacc actgcagcc atg atc tcc 118

Met Ile Ser

1

tta acg gac acg cag aaa att gga atg gga tta aca gga ttt gga gtg 166

Leu Thr Asp Thr Gln Lys Ile Gly Met Gly Leu Thr Gly Phe Gly Val

5

10

15

ttt ttc ctg ttc ttt gga atg att ctc ttt ttt gac aaa gca cta ctg 214

Phe Phe Leu Phe Phe Gly Met Ile Leu Phe Phe Asp Lys Ala Leu Leu

20

25

30

35

gct att gga aat gtt tta ttt gta gcc ggc ttg gct ttt gta att ggt 262

Ala Ile Gly Asn Val Leu Phe Val Ala Gly Leu Ala Phe Val Ile Gly

40

45

50

tta gaa aga aca ttc aga ttc ttc ttc caa aaa cat aaa atg aaa gct 310

Leu Glu Arg Thr Phe Arg Phe Phe Phe Gln Lys His Lys Met Lys Ala

55

60

65

aca ggt ttt ttt ctg ggt ggt gta ttt gta gtc ctt att ggt tgg cct 358

Thr Gly Phe Phe Leu Gly Gly Val Phe Val Val Leu Ile Gly Trp Pro

70

75

80

ttg ata ggc atg atc ttc gaa att tat gga ttt ttt ctc ttg ttc agg 406

Leu Ile Gly Met Ile Phe Glu Ile Tyr Gly Phe Phe Leu Leu Phe Arg

85

90

95

ggc ttc ttt cct gtc gtt gtt ggc ttt att aga aga gtg cca gtc ctt 454

Gly Phe Phe Pro Val Val Val Gly Phe Ile Arg Arg Val Pro Val Leu

100

105

110

115

gga tcc ctc cta aat tta cct gga att aga tca ttt gta gat aaa gtt 502

Gly Ser Leu Leu Asn Leu Pro Gly Ile Arg Ser Phe Val Asp Lys Val

120

125

130

gga gaa agc aac aat atg gta taacaacaag tgaatttgaa gactcattta 553

Gly Glu Ser Asn Asn Met Val

135

aaatattgtg ttattttataa agtcatttga agaattattca gcacaaaatt aaattacatg 613

aaatagcttg taatgttctt tacaggagtt taaaacgtat agcctacaaa gtaccagcag 673

caaattagca aagaagcagt gaaaacaggc ttctactcaa gtgaactaag aagaagtcag 733

caagcaaact gagagaggtg aaatccatgt taatgatgct taagaaactc ttgaaggcta 793

tttgtgttgt ttttccacaa tgtgcgaaac tcagccatcc ttagagaact gtggtgcctg 853

tttcttttct ttttattttg aaggctcagg agcatccata ggcatttgct ttttagaaat 913

gtccactgca atggcaaaaa tatttccagt tgcactgtat ctctggaagt gatgcatgaa 973

ttcgattgga ttgtgtcatt ttaaagtatt aaaaccaagg aaaccccaat ttgatgtat 1033

ggattacttt tttttgtaaa catggttaaa ataaaacttc tgtggttctt ctgaatctta 1093

atatttcaaa gccaggtgaa aatctgaact agatattctt tgttggaata tgcaaaggtc 1153

attctttact aacttttagt tactaaatta tagctaagtt ttgtcagcag catactccgg 1213

aaagtctcat acttcttggg agtctgccct cctaagtatc tgtctatata attcattacg 1273

tgtaagtatt taacaaaaaa gcattcttga ccatgaatga agtagtttgt ttcatagctt 1333

gtctcattga atagtattat tgaagatact aaatgatgca aaccaaattg attttttcca 1393

tgtcatgatg taatttttct ttcttctttc ttttttttaa atttttagcag tggcttatta 1453

tttgtttttc ataaattaaa ataacttttg ataatgttta cttaagaca tgtaacatgt 1513

taaaaggtta aacttatggc tgtttttaaa gggctattca tttaatctga gttttccctt 1573

attttcagct ttttcctagc atataatagt cattaagcat gacatatcct tcatatgata 1633

actcatcttg agttaattag aaaataacctg agttcacgtg cttaaagtcatt ttcactgtaa 1693

taaactgact atggtttctt aagaacatga cactaaaaaa aaagtggttt ttttccaccg 1753

ttgctgatta ttagacagta ggaaatagct gttttcttta gttttacaag atgtgacagc 1813

tttagtgga gatgtaggga aacatttcaa cagccatagt actatttggt ttaccactga 1873

ttgcactggt ttgttttttt aacagttgca aagcttttta atgcataaaa gtataattga 1933

aatctgtggt atttatttac aaacatgtct acaaaaatag attacagctt attttatttt 1993

tagttaaatc tcttaataca cagagaactc ccaatcttgc tcatctaaat aaggaaagac 2053

ttggtgtata gtgtgatggt ttagtcttaa ggattaagac atttttggta cttgcatttg 2113

acttacgatg tatctgtgaa aatgggatga tattgacaaa tggagactcc tacctcaata 2173

gttaatggaa taataagagg ctactgttgt gtctaattgt cttcaaaaaa gtaatatcct 2233

cacttgga ga gtgtcaaata catactttga ggattgactt tatataaggt gccctgtaga 2293

actctgttac acatattttt gacccatatt atttacaatg tcttgataat tctacctttt 2353

tagagcaaga atagtatctg ctaatgtaag ggacatctgt atttaactcc tttgtagaca 2413

tgaatttcta tcaaaatggt ctttgcactg taacagagat tccttttttc aataatctta 2473

attcaaaagc attattagac ttgaaagggt ttgataatct cccagtcctt agtaaagatt 2533

gagagaggct ggagcagttt tcagttttta atgagtctgc agttaatatc aaatgtgagt 2593

ttgggactgc ctggcaacat ttatatttct tattcagaac ccttgatgag actattttta 2653

aacatactag tctgctgata gaaagcacta tacatcctat tgtttctttc ttccaaaat 2713

cagccttctg tctgtaacaa aaatgtactt tatagagatg gaggaaaagg tctaatacta 2773

catagcctta agtgtttctg tcattgttca agtgatattt ctgtaacaga aacatatttg 2833

gaatgttttt cttttccctt tataaattgt aattcctgaa atactgctgc tttaaaaagt 2893

cccactgtca gattatatta tctaacaatt gaatattgta aatatacttg tcttacctct 2953

caataaaagg gtacttttct att 2976

<210> 49

<211> 359

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 49

Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe

1 5 10 15

His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln

20 25 30

Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro Ser Val

35 40 45

Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu Asn Pro
50 55 60

Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu Val Met
65 70 75 80

Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile
85 90 95

Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser
100 105 110

Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu
115 120 125

His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp
130 135 140

Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg
145 150 155 160

Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His Ile His
165 170 175

Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr
180 185 190

Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu

195

200

205

Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro

210

215

220

Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn Thr Ile

225

230

235

240

Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser

245

250

255

Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser

260

265

270

Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe

275

280

285

Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr Ser His

290

295

300

Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His Val Met

305

310

315

320

Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser

325

330

335

Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu Ser

340

345

350

Arg Ser Thr Thr His Leu Ile

355

<210> 50

<211> 2636

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (327)..(1403)

<400> 50

cttcaaagca gtcagcaagg tggcaagttg caaaagagct ttatcaaact gaaagtaatt 60

atgttaatat attggcaaca attattcagt tatttcaagt accattggaa gaggaaggac 120

aacgtggtgg acctatcctt gcaccagagg agattaagac tatTTTTTgt agcatcccag 180

atatctttga tgtacacact aagataaagg atgatcttga agaccttata gttaattggg 240

atgagagcaa aagcattggt gacatttttc tgaaatattc aaaagatttg gtaaaaacct 300

accctccctt tgtaaacttc ttgaa atg agc aag gaa aca att att aaa tgt 353

Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys

1

5

gaa aaa cag aaa cca aga ttt cat gct ttt ctc aag ata aac caa gca 401

Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala
10 15 20 25

aaa cca gaa tgt gga cgg cag agc ctt gtt gaa ctt ctt atc cga cca 449
Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro
30 35 40

gta cag agg tta ccc agt gtt gca tta ctt tta aat gat ctt aag aag 497
Val Gln Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys
45 50 55

cat aca gct gat gaa aat cca gac aaa agc act tta gaa aaa gct att 545
His Thr Ala Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile
60 65 70

gga tca ctg aag gaa gta atg acg cat att aat gag gat aag aga aaa 593
Gly Ser Leu Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys
75 80 85

aca gaa gct caa aag caa att ttt gat gtt gtt tat gaa gta gat gga 641
Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly
90 95 100 105

tgc cca gct aat ctt tta tct tct cac cga agc tta gta cag cgg gtt 689
Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val
110 115 120

gaa aca att tct cta ggt gag cac ccc tgt gac aga gga gaa caa gta 737
Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val

125

130

135

act ctc ttc ctc ttc aat gat tgc cta gag ata gca aga aaa cgg cac 785

Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His

140

145

150

aag gtt att ggc act ttt agg agt cct cat ggc caa acc cga ccc cca 833

Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro

155

160

165

gct tct ctt aag cat att cac cta atg cct ctt tct cag att aag aag 881

Ala Ser Leu Lys His Ile His Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys

170

175

180

185

gta ttg gac ata aga gag aca gaa gat tgc cat aat gct ttt gcc ttg 929

Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu

190

195

200

ctt gtg agg cca cca aca gag cag gca aat gtg cta ctc agt ttc cag 977

Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln

205

210

215

atg aca tca gat gaa ctt cca aaa gaa aac tgg cta aag atg ctg tgt 1025

Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys

220

225

230

cga cat gta gct aac acc att tgt aaa gca gat gct gag aat ctt att 1073

Arg His Val Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile

235

240

245

tat act gct gat cca gaa tcc ttt gaa gta aat aca aaa gat atg gac 1121

Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp

250 255 260 265

agt aca ttg agt aga gca tca aga gca ata aaa aag act tca aaa aag 1169

Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys

270 275 280

gtt aca aga gca ttc tct ttc tcc aaa act cca aaa aga gct ctt cga 1217

Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg

285 290 295

agg gct ctt atg aca tcc cac ggc tca gtg gag gga aga agt cct tcc 1265

Arg Ala Leu Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser

300 305 310

agc aat gat aag cat gta atg agt cgt ctt tct agc aca tca tca tta 1313

Ser Asn Asp Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu

315 320 325

gca ggt atc cct tct ccc tcc ctt gtc agc ctt cct tcc ttc ttt gaa 1361

Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu

330 335 340 345

agg aga agt cat acg tta agt aga tct aca act cat ttg ata 1403

Arg Arg Ser His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr His Leu Ile

350 355

tgaagcgtaa ccaaaatctt aaattataga aatgtataga cacctcatac tcaaataaga 1463

aactgactta aatggtactt gtaattagca cttggtgaaa gctggaagga agataaataa 1523

cactaaacta tgctatttga tttttcttct tgaaagagta aggtttacct gttacatttt 1583

caagttaatt catgtaaaaa atgatagtga ttttgatgta atttatctct tgtttgaatc 1643

tgtcattcaa aggccaataa ttttaagttgc tatcagctga tattagtagc tttgcaaccc 1703

tgatagagta aataaathtt atgggcgggt gccaaatact gctgtgaatc tatttgtata 1763

gtatccatga atgaatttat ggaaatagat atttgtgcag ctcaatttat gcagagatta 1823

aatgacatca taatactgga tgaaaacttg catagaattc tgattaaata gtgggtctgt 1883

ttcacatgtg cagtttgaag tatttaaata accactcctt tcacagtta ttttcttctc 1943

aagcgttttc aagatctagc atgtggattt taaaagattt gccctcatta acaagaataa 2003

catttaaagg agattgtttc aaaatatttt tgcaaattga gataaggaca gaaagattga 2063

gaaacattgt atattttgca aaaacaagat gttttagct gtttcagaga gagtacggta 2123

tatttatggt aattttatcc actagcaaatt cttgatttag tttgatagtg tgtggaattt 2183

tattttgaag gataagacca tgggaaaatt gtggtaaaga ctgtttgtac ctttcatgaa 2243

ataattctga agttgccatc agttttacta atcttctgtg aaatgcatag atatgcgat 2303

gttcaacttt ttattgtggt cttataatta aatgtaaaat tgaaaattca ttgctgttt 2363

caaagtgtga tatctttcac aatagccttt ttatagtcag taattcagaa taatcaagtt 2423

catatggata aatgcatttt tatttcctat ttcttttaggg agtgctacaa atgtttgtca 2483

cttaaatttc aagtttctgt tttaatagtt aactgactat agattgttt ctatgccatg 2543

tatgtgccac ttctgagagt agtaaataac tctttgctac attttaaaag caattgtatt 2603

agtaagaact ttgtaaataa atacctaata ccc 2636

<210> 51

<211> 883

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 51

Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr Ser Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu

1 5 10 15

Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser Lys Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu

20 25 30

Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser Tyr Val Glu Glu Glu Met Pro Gln

35 40 45

Ile Glu Thr Arg Val Ile Leu Val Gln Glu Ala Gly Lys Gln Glu Glu

50

55

60

Leu Thr Lys Ala Leu Lys Asp Ile Lys Val Gly Phe Val Lys Met Glu

65

70

75

80

Ser Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu Asp Ser Pro Glu Phe Glu Asn Val

85

90

95

Phe Val Val Thr Asp Phe Gln Asp Ser Val Phe Asn Asp Leu Tyr Lys

100

105

110

Ala Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro Pro Val Val Leu Asn Cys Ser Gln

115

120

125

Lys Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser Cys Arg Pro Leu Tyr Cys Thr Ser

130

135

140

Met Met Asn Leu Val Leu Cys Phe Thr Gly Phe Arg Lys Lys Glu Glu

145

150

155

160

Leu Val Arg Leu Val Thr Leu Val His His Met Gly Gly Val Ile Arg

165

170

175

Lys Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr His Leu Val Ala Asn Cys Thr Gln

180

185

190

Gly Glu Lys Phe Arg Val Ala Val Ser Leu Gly Thr Pro Ile Met Lys

195

200

205

Pro Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp Glu Arg Arg Asn Glu Gln Asp Phe
210 215 220

Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg Asn Glu Phe Lys Val Pro Pro Phe
225 230 235 240

Gln Asp Cys Ile Phe Ser Phe Leu Gly Phe Ser Asp Glu Glu Lys Thr
245 250 255

Asn Met Glu Glu Met Thr Glu Met Gln Gly Gly Lys Tyr Leu Pro Leu
260 265 270

Gly Asp Glu Arg Cys Thr His Leu Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys Lys Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu
290 295 300

Trp Phe Trp Gly Ser Ile Gln Met Asp Ala Arg Ala Gly Glu Thr Met
305 310 315 320

Tyr Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr Pro Glu Leu Lys Lys Ser Val Ser
325 330 335

Met Leu Ser Leu Asn Thr Pro Asn Ser Asn Arg Lys Arg Arg Arg Leu
340 345 350

Lys Glu Thr Leu Ala Gln Leu Ser Arg Asp Thr Asp Val Ser Pro Phe

355

360

365

Pro Pro Arg Lys Arg Pro Ser Ala Glu His Ser Leu Ser Ile Gly Ser

370

375

380

Leu Leu Asp Ile Ser Asn Thr Pro Glu Ser Ser Ile Asn Tyr Gly Asp

385

390

395

400

Thr Pro Lys Ser Cys Thr Lys Ser Ser Lys Ser Ser Thr Pro Val Pro

405

410

415

Ser Lys Gln Ser Ala Arg Trp Gln Val Ala Lys Glu Leu Tyr Gln Thr

420

425

430

Glu Ser Asn Tyr Val Asn Ile Leu Ala Thr Ile Ile Gln Leu Phe Gln

435

440

445

Val Pro Leu Glu Glu Glu Gly Gln Arg Gly Gly Pro Ile Leu Ala Pro

450

455

460

Glu Glu Ile Lys Thr Ile Phe Gly Ser Ile Pro Asp Ile Phe Asp Val

465

470

475

480

His Thr Lys Ile Lys Asp Asp Leu Glu Asp Leu Ile Val Asn Trp Asp

485

490

495

Glu Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu

500

505

510

Val Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val Asn Phe Phe Glu Met Ser Lys Glu

515

520

525

Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu

530

535

540

Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu

545

550

555

560

Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu

565

570

575

Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr

580

585

590

Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn

595

600

605

Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val

610

615

620

Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser

625

630

635

640

Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp

645

650

655

Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile

660

665

670

Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly
675 680 685

Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His Ile His Leu Met Pro Leu
690 695 700

Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His
705 710 715 720

Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val
725 730 735

Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp
740 745 750

Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp
755 760 765

Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn
770 775 780

Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys
785 790 795 800

Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro
805 810 815

Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu

820

825

830

Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser

835

840

845

Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu

850

855

860

Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr

865

870

875

880

His Leu Ile

<210> 52

<211> 3910

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (29)..(2677)

<400> 52

agagtgc tga tttagaagaa tacaaatc atg gct gaa aat agt gta tta aca 52

Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr

1

5

tcc act act ggg agg act agc ttg gca gac tct tcc att ttt gat tct 100

Ser Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser

10

15

20

aaa gtt act gag att tcc aag gaa aac tta ctt att gga tct act tca 148

Lys Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser

25

30

35

40

tat gta gaa gaa gag atg cct cag att gaa aca aga gtg ata ttg gtt 196

Tyr Val Glu Glu Glu Met Pro Gln Ile Glu Thr Arg Val Ile Leu Val

45

50

55

caa gaa gct gga aaa caa gaa gaa ctt aca aaa gcc tta aag gac att 244

Gln Glu Ala Gly Lys Gln Glu Glu Leu Thr Lys Ala Leu Lys Asp Ile

60

65

70

aaa gtg ggc ttt gta aag atg gag tca gtg gaa gaa ttt gaa ggt ttg 292

Lys Val Gly Phe Val Lys Met Glu Ser Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu

75

80

85

gat tct ccg gaa ttt gaa aat gta ttt gta gtc acg gac ttt cag gat 340

Asp Ser Pro Glu Phe Glu Asn Val Phe Val Val Thr Asp Phe Gln Asp

90

95

100

tct gtc ttt aat gac ctc tac aag gct gat tgt aga gtt att gga cca 388

Ser Val Phe Asn Asp Leu Tyr Lys Ala Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro

105

110

115

120

cca gtt gta tta aat tgt tca caa aaa gga gag cct ttg cca ttt tca 436

Pro Val Val Leu Asn Cys Ser Gln Lys Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser

125

130

135

tgt cgc ccg ttg tat tgt aca agt atg atg aat cta gta cta tgc ttt 484

Cys Arg Pro Leu Tyr Cys Thr Ser Met Met Asn Leu Val Leu Cys Phe

140

145

150

act gga ttt agg aaa aaa gaa gaa cta gtc agg ttg gtg aca ttg gtc 532

Thr Gly Phe Arg Lys Lys Glu Glu Leu Val Arg Leu Val Thr Leu Val

155

160

165

cat cac atg ggt gga gtt att cga aaa gac ttt aat tca aaa gtt aca 580

His His Met Gly Gly Val Ile Arg Lys Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr

170

175

180

cat ttg gtg gca aat tgt aca caa gga gaa aaa ttc agg gtt gct gtg 628

His Leu Val Ala Asn Cys Thr Gln Gly Glu Lys Phe Arg Val Ala Val

185

190

195

200

agt cta ggt act cca att atg aag cca gaa tgg att tat aaa gct tgg 676

Ser Leu Gly Thr Pro Ile Met Lys Pro Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp

205

210

215

gaa agg cgg aat gaa cag gat ttc tat gca gca gtt gat gac ttt aga 724

Glu Arg Arg Asn Glu Gln Asp Phe Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg

220

225

230

aat gaa ttt aaa gtt cct cca ttt caa gat tgt att ttt agt ttc ctg 772

Asn Glu Phe Lys Val Pro Pro Phe Gln Asp Cys Ile Phe Ser Phe Leu

235	240	245	
gga ttt tca gat gaa gag aaa acc aat atg gaa gaa atg act gaa atg 820			
Gly Phe Ser Asp Glu Glu Lys Thr Asn Met Glu Glu Met Thr Glu Met			
250	255	260	
caa gga ggt aaa tat tta ccg ctt gga gat gaa aga tgc act cac ctt 868			
Gln Gly Gly Lys Tyr Leu Pro Leu Gly Asp Glu Arg Cys Thr His Leu			
265	270	275	280
gta gtt gaa gag aat ata gta aaa gat ctt ccc ttt gaa cct tca aag 916			
Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys Asp Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys			
285	290	295	
aaa ctt tat gtt gtc aag caa gag tgg ttc tgg gga agc att caa atg 964			
Lys Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu Trp Phe Trp Gly Ser Ile Gln Met			
300	305	310	
gat gcc cga gct gga gaa act atg tat tta tat gaa aag gca aat act 1012			
Asp Ala Arg Ala Gly Glu Thr Met Tyr Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr			
315	320	325	
cct gag ctc aag aaa tca gtg tca atg ctt tct cta aat acc cct aac 1060			
Pro Glu Leu Lys Lys Ser Val Ser Met Leu Ser Leu Asn Thr Pro Asn			
330	335	340	
agc aat cgc aaa cga cgt cgt tta aaa gaa aca ctt gct cag ctt tca 1108			
Ser Asn Arg Lys Arg Arg Arg Leu Lys Glu Thr Leu Ala Gln Leu Ser			
345	350	355	360

aga gat aca gac gtg tca cca ttt cca ccc cgt aag cgc cca tca gct 1156

Arg Asp Thr Asp Val Ser Pro Phe Pro Pro Arg Lys Arg Pro Ser Ala

365

370

375

gag cat tcc ctt tcc ata ggg tca ctc cta gat atc tcc aac aca cca 1204

Glu His Ser Leu Ser Ile Gly Ser Leu Leu Asp Ile Ser Asn Thr Pro

380

385

390

gag tct agc att aac tat gga gac acc cca aag tct tgt act aag tct 1252

Glu Ser Ser Ile Asn Tyr Gly Asp Thr Pro Lys Ser Cys Thr Lys Ser

395

400

405

tct aaa agc tcc act cca gtt cct tca aag cag tca gca agg tgg caa 1300

Ser Lys Ser Ser Thr Pro Val Pro Ser Lys Gln Ser Ala Arg Trp Gln

410

415

420

gtt gca aaa gag ctt tat caa act gaa agt aat tat gtt aat ata ttg 1348

Val Ala Lys Glu Leu Tyr Gln Thr Glu Ser Asn Tyr Val Asn Ile Leu

425

430

435

440

gca aca att att cag tta ttt caa gta cca ttg gaa gag gaa gga caa 1396

Ala Thr Ile Ile Gln Leu Phe Gln Val Pro Leu Glu Glu Glu Gly Gln

445

450

455

cgt ggt gga cct atc ctt gca cca gag gag att aag act att ttt ggt 1444

Arg Gly Gly Pro Ile Leu Ala Pro Glu Glu Ile Lys Thr Ile Phe Gly

460

465

470

agc atc cca gat atc ttt gat gta cac act aag ata aag gat gat ctt 1492

Ser Ile Pro Asp Ile Phe Asp Val His Thr Lys Ile Lys Asp Asp Leu

475

480

485

gaa gac ctt ata gtt aat tgg gat gag agc aaa agc att ggt gac att 1540

Glu Asp Leu Ile Val Asn Trp Asp Glu Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile

490

495

500

ttt ctg aaa tat tca aaa gat ttg gta aaa acc tac cct ccc ttt gta 1588

Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val

505

510

515

520

aac ttc ttt gaa atg agc aag gaa aca att att aaa tgt gaa aaa cag 1636

Asn Phe Phe Glu Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln

525

530

535

aaa cca aga ttt cat gct ttt ctc aag ata aac caa gca aaa cca gaa 1684

Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu

540

545

550

tgt gga cgg cag agc ctt gtt gaa ctt ctt atc cga cca gta cag agg 1732

Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg

555

560

565

tta ccc agt gtt gca tta ctt tta aat gat ctt aag aag cat aca gct 1780

Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala

570

575

580

gat gaa aat cca gac aaa agc act tta gaa aaa gct att gga tca ctg 1828

Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu
 585 590 595 600

aag gaa gta atg acg cat att aat gag gat aag aga aaa aca gaa gct 1876
 Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala
 605 610 615

caa aag caa att ttt gat gtt gtt tat gaa gta gat gga tgc cca gct 1924
 Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala
 620 625 630

aat ctt tta tct tct cac cga agc tta gta cag cgg gtt gaa aca att 1972
 Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile
 635 640 645

tct cta ggt gag cac ccc tgt gac aga gga gaa caa gta act ctc ttc 2020
 Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe
 650 655 660

ctc ttc aat gat tgc cta gag ata gca aga aaa cgg cac aag gtt att 2068
 Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile
 665 670 675 680

ggc act ttt agg agt cct cat ggc caa acc cga ccc cca gct tct ctt 2116
 Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu
 685 690 695

aag cat att cac cta atg cct ctt tct cag att aag aag gta ttg gac 2164
 Lys His Ile His Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp

700	705	710	
ata aga gag aca gaa gat tgc cat aat gct ttt gcc ttg ctt gtg agg			2212
Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg			
715	720	725	
cca cca aca gag cag gca aat gtg cta ctc agt ttc cag atg aca tca			2260
Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser			
730	735	740	
gat gaa ctt cca aaa gaa aac tgg cta aag atg ctg tgt cga cat gta			2308
Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val			
745	750	755	760
gct aac acc att tgt aaa gca gat gct gag aat ctt att tat act gct			2356
Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala			
765	770	775	
gat cca gaa tcc ttt gaa gta aat aca aaa gat atg gac agt aca ttg			2404
Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu			
780	785	790	
agt aga gca tca aga gca ata aaa aag act tca aaa aag gtt aca aga			2452
Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg			
795	800	805	
gca ttc tct ttc tcc aaa act cca aaa aga gct ctt cga agg gct ctt			2500
Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu			
810	815	820	

atg aca tcc cac ggc tca gtg gag gga aga agt cct tcc agc aat gat 2548
 Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp
 825 830 835 840

aag cat gta atg agt cgt ctt tct agc aca tca tca tta gca ggt atc 2596
 Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile
 845 850 855

cct tct ccc tcc ctt gtc agc ctt cct tcc ttc ttt gaa agg aga agt 2644
 Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser
 860 865 870

cat acg tta agt aga tct aca act cat ttg ata tgaagcgtta ccaaaatctt 2697
 His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr His Leu Ile
 875 880

aaattataga aatgtataga cacctcatatc tcaaataaga aactgactta aatggtactt 2757

gtaattagca cttggtgaaa gctggaagga agataaataa cactaaacta tgctatttga 2817

tttttcttct tgaaagagta aggtttacct gttacatttt caagttaatt catgtaaaaa 2877

atgatagtga ttttgatgta atttatctct tgtttgaatc tgctattcaa aggccaataa 2937

tttaagttgc tatcagctga tattagtagc ttgcaaccc tgatagagta aataaatttt 2997

atgggcgggt gccaaatact gctgtgaatc tatttgtata gtatccatga atgaatttat 3057

ggaaatagat atttgtgcag ctcaatttat gcagagatta aatgacatca taatactgga 3117

tgaaaacttg catagaattc tgattaaata gtgggtctgt ttcacatgtg cagtttgaag 3177

tatttaaata accactcctt tcacagttta ttttcttctc aagcgttttc aagatctagc 3237

atgtggattt taaaagattt gccctcatta acaagaataa catttaaagg agattgtttc 3297

aaaatatattt tgcaaattga gataaggaca gaaagattga gaaacattgt atattttgca 3357

aaaacaagat gtttgtagct gtttcagaga gagtacggta tatttatggt aattttatcc 3417

actagcaaat cttgatttag tttgatagtg tgtggaattt tattttgaag gataagacca 3477

tgggaaaatt gtggtaaaga ctgtttgtac cttcatgaa ataattctga agttgccatc 3537

agttttacta atcttctgtg aaatgcatag atatgcgcac gttcaacttt ttattgtggt 3597

cttataatta aatgtaaaat tgaaaattca tttgctgttt caaagtgtga tatctttcac 3657

aatagccttt ttatagtcag taattcagaa taatcaagtt catatggata aatgcatttt 3717

tatttcctat ttctttaggg agtgctacaa atgtttgtca cttaaatttc aagtttctgt 3777

tttaatagtt aactgactat agattgtttt ctatgccatg tatgtgccac ttctgagagt 3837

agtaaagac tctttgctac attttaaaag caattgtatt agtaagaact ttgtaaataa 3897

atacctaaaa ccc 3910

<210> 53

<211> 622

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 53

Met Glu Gly Pro Gly Leu Gly Ser Gln Cys Arg Asn His Ser His Gly

1 5 10 15

Pro His Pro Pro Gly Phe Gly Arg Tyr Gly Ile Cys Ala His Glu Asn

20 25 30

Lys Glu Leu Ala Asn Ala Arg Glu Ala Leu Pro Leu Ile Glu Asp Ser

35 40 45

Ser Asn Cys Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Phe Glu Arg

50 55 60

Cys Lys Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys

65 70 75 80

Glu Asn Val Ser Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Leu Asp

85 90 95

Leu Val Lys Phe Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Val Val Asp Gln Leu Gly

100 105 110

Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Ile Arg Gln Gly His

115

120

125

Leu Pro Met Val Ile Leu Leu Leu Gln His Gly Ala Asp Pro Thr Leu

130

135

140

Ile Asp Gly Glu Gly Phe Ser Ser Ile His Leu Ala Val Leu Phe Gln

145

150

155

160

His Met Pro Ile Ile Ala Tyr Leu Ile Ser Lys Gly Gln Ser Val Asn

165

170

175

Met Thr Asp Val Asn Gly Gln Thr Pro Leu Met Leu Ser Ala His Lys

180

185

190

Val Ile Gly Pro Glu Pro Thr Gly Phe Leu Leu Lys Phe Asn Pro Ser

195

200

205

Leu Asn Val Val Asp Lys Ile His Gln Asn Thr Pro Leu His Trp Ala

210

215

220

Val Ala Ala Gly Asn Val Asn Ala Val Asp Lys Leu Leu Glu Ala Gly

225

230

235

240

Ser Ser Leu Asp Ile Gln Asn Val Lys Gly Glu Thr Pro Leu Asp Met

245

250

255

Ala Leu Gln Asn Lys Asn Gln Leu Ile Ile His Met Leu Lys Thr Glu

260

265

270

Ala Lys Met Arg Ala Asn Gln Lys Phe Arg Leu Trp Arg Trp Leu Gln
275 280 285

Lys Cys Glu Leu Phe Leu Leu Leu Met Leu Ser Val Ile Thr Met Trp
290 295 300

Ala Ile Gly Tyr Ile Leu Asp Phe Asn Ser Asp Ser Trp Leu Leu Lys
305 310 315 320

Gly Cys Leu Leu Val Thr Leu Phe Phe Leu Thr Ser Leu Phe Pro Arg
325 330 335

Phe Leu Val Gly Tyr Lys Asn Leu Val Tyr Leu Pro Thr Ala Phe Leu
340 345 350

Leu Ser Ser Val Phe Trp Ile Phe Met Thr Trp Phe Ile Leu Phe Phe
355 360 365

Pro Asp Leu Ala Gly Ala Pro Phe Tyr Phe Ser Phe Ile Phe Ser Ile
370 375 380

Val Ala Phe Leu Tyr Phe Phe Tyr Lys Thr Trp Ala Thr Asp Pro Gly
385 390 395 400

Phe Thr Lys Ala Ser Glu Glu Glu Lys Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu
405 410 415

Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Phe Arg Thr Phe Cys Thr Ser Cys Leu

420

425

430

Ile Arg Lys Pro Leu Arg Ser Leu His Cys His Val Cys Asn Cys Cys

435

440

445

Val Ala Arg Tyr Asp Gln His Cys Leu Trp Thr Gly Arg Cys Ile Gly

450

455

460

Phe Gly Asn His His Tyr Tyr Ile Phe Phe Leu Phe Phe Leu Ser Met

465

470

475

480

Val Cys Gly Trp Ile Ile Tyr Gly Ser Phe Ile Tyr Leu Ser Ser His

485

490

495

Cys Ala Thr Thr Phe Lys Glu Asp Gly Leu Trp Thr Tyr Leu Asn Gln

500

505

510

Ile Val Ala Cys Ser Pro Trp Val Leu Tyr Ile Leu Met Leu Ala Thr

515

520

525

Phe His Phe Ser Trp Ser Thr Phe Leu Leu Leu Asn Gln Leu Phe Gln

530

535

540

Ile Ala Phe Leu Gly Leu Thr Ser His Glu Arg Ile Ser Leu Gln Lys

545

550

555

560

Gln Ser Lys His Met Lys Gln Thr Leu Ser Leu Arg Lys Thr Pro Tyr

565

570

575

Asn Leu Gly Phe Met Gln Asn Leu Ala Asp Phe Phe Gln Cys Gly Cys

580

585

590

Phe Gly Leu Val Lys Pro Cys Val Val Asp Trp Thr Ser Gln Tyr Thr

595

600

605

Met Val Phe His Pro Ala Arg Glu Lys Val Leu Arg Ser Val

610

615

620

<210> 54

<211> 2426

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (104)..(1969)

<400> 54

gcgccagcag gaagtgggag aagaggcgac ccaaggcggg ctggcgggct ggcggcagtc 60

gctacttgcc tagtagcctc agccgctgtg ggctcctggg gag atg gag ggg ccg 115

Met Glu Gly Pro

1

ggg ctg ggc tcg cag tgc agg aat cac agc cat ggc ccc cac cct cca 163

Gly Leu Gly Ser Gln Cys Arg Asn His Ser His Gly Pro His Pro Pro

5

10

15

20

gga ttt ggt cga tat ggc atc tgt gca cat gaa aac aaa gaa ctt gcc 211
 Gly Phe Gly Arg Tyr Gly Ile Cys Ala His Glu Asn Lys Glu Leu Ala

25

30

35

aat gca aga gaa gct ctt cct ctt ata gag gac tct agt aac tgt gac 259
 Asn Ala Arg Glu Ala Leu Pro Leu Ile Glu Asp Ser Ser Asn Cys Asp

40

45

50

att gtc aaa gct act caa tac gga att ttt gaa cga tgt aaa gag ttg 307
 Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Phe Glu Arg Cys Lys Glu Leu

55

60

65

gta gaa gca gga tat gat gtc agg caa cca gat aaa gaa aat gtg tcg 355
 Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Ser

70

75

80

ctt ctt cat tgg gct gct att aac aac aga ctg gat ctt gta aag ttt 403
 Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Leu Asp Leu Val Lys Phe

85

90

95

100

tat att tca aaa ggt gct gtt gta gat cag ttg ggt gga gat tta aat 451
 Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Val Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn

105

110

115

tca act cct ctt cac tgg gcc atc cga caa gga cat tta cct atg gtc 499
 Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Ile Arg Gln Gly His Leu Pro Met Val

120

125

130

ata tta tta ctc cag cat ggt gca gac ccc act ctt att gat gga gag 547

Ile Leu Leu Leu Gln His Gly Ala Asp Pro Thr Leu Ile Asp Gly Glu

135

140

145

gga ttc agc agc atc cac ctg gca gta ttg ttt caa cac atg cct att 595

Gly Phe Ser Ser Ile His Leu Ala Val Leu Phe Gln His Met Pro Ile

150

155

160

ata gca tat ctc atc tca aag gga cag agt gtg aat atg aca gat gta 643

Ile Ala Tyr Leu Ile Ser Lys Gly Gln Ser Val Asn Met Thr Asp Val

165

170

175

180

aat ggg cag aca cct ctc atg tta tca gct cac aaa gta att ggg cca 691

Asn Gly Gln Thr Pro Leu Met Leu Ser Ala His Lys Val Ile Gly Pro

185

190

195

gaa cca act gga ttt ctt tta aag ttt aat cct tct ctc aat gtg gtt 739

Glu Pro Thr Gly Phe Leu Leu Lys Phe Asn Pro Ser Leu Asn Val Val

200

205

210

gat aaa ata cac caa aac act cca ctt cac tgg gca gtt gca gca gga 787

Asp Lys Ile His Gln Asn Thr Pro Leu His Trp Ala Val Ala Ala Gly

215

220

225

aat gtt aat gca gtt gat aag ctt ttg gaa gct ggt tct agc ctg gat 835

Asn Val Asn Ala Val Asp Lys Leu Leu Glu Ala Gly Ser Ser Leu Asp

230

235

240

atc cag aat gtt aag gga gaa aca cct ctt gat atg gct cta caa aac 883

Ile Gln Asn Val Lys Gly Glu Thr Pro Leu Asp Met Ala Leu Gln Asn
245 250 255 260

aaa aat cag ctc att att cat atg cta aaa aca gaa gcc aaa atg aga 931
Lys Asn Gln Leu Ile Ile His Met Leu Lys Thr Glu Ala Lys Met Arg
265 270 275

gcc aac caa aag ttc aga ctt tgg agg tgg ctg cag aaa tgc gag ctc 979
Ala Asn Gln Lys Phe Arg Leu Trp Arg Trp Leu Gln Lys Cys Glu Leu
280 285 290

ttc ctg ctg ctg atg ctt tct gtg att acc atg tgg gct att gga tac 1027
Phe Leu Leu Leu Met Leu Ser Val Ile Thr Met Trp Ala Ile Gly Tyr
295 300 305

ata ttg gac ttc aat tca gat tct tgg ctt tta aaa gga tgt ctt cta 1075
Ile Leu Asp Phe Asn Ser Asp Ser Trp Leu Leu Lys Gly Cys Leu Leu
310 315 320

gta aca ctg ttt ttt ctg aca tct ttg ttt cca agg ttc ttg gtt ggg 1123
Val Thr Leu Phe Phe Leu Thr Ser Leu Phe Pro Arg Phe Leu Val Gly
325 330 335 340

tat aag aac ctt gta tac tta cca aca gcc ttt ctg cta agt tct gtt 1171
Tyr Lys Asn Leu Val Tyr Leu Pro Thr Ala Phe Leu Leu Ser Ser Val
345 350 355

ttt tgg ata ttt atg act tgg ttc atc tta ttt ttt cct gat tta gca 1219
Phe Trp Ile Phe Met Thr Trp Phe Ile Leu Phe Phe Pro Asp Leu Ala

360

365

370

gga gcc cct ttc tat ttc agt ttc att ttc agc ata gta gcc ttt cta 1267

Gly Ala Pro Phe Tyr Phe Ser Phe Ile Phe Ser Ile Val Ala Phe Leu

375

380

385

tac ttt ttc tat aag act tgg gca act gat cca ggc ttc act aag gct 1315

Tyr Phe Phe Tyr Lys Thr Trp Ala Thr Asp Pro Gly Phe Thr Lys Ala

390

395

400

tct gaa gaa gaa aag aaa gtg aat atc atc acc ctt gca gaa act ggc 1363

Ser Glu Glu Glu Lys Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu Ala Glu Thr Gly

405

410

415

420

tct ctg gac ttc aga aca ttt tgt aca tca tgt ctt ata agg aag cca 1411

Ser Leu Asp Phe Arg Thr Phe Cys Thr Ser Cys Leu Ile Arg Lys Pro

425

430

435

tta agg tca ctc cac tgc cat gta tgc aac tgc tgt gtg gct cga tat 1459

Leu Arg Ser Leu His Cys His Val Cys Asn Cys Cys Val Ala Arg Tyr

440

445

450

gat caa cac tgc ctg tgg act gga cgg tgc ata ggt ttt ggc aac cat 1507

Asp Gln His Cys Leu Trp Thr Gly Arg Cys Ile Gly Phe Gly Asn His

455

460

465

cac tat tac ata ttc ttc ttg ttt ttc ctt tcc atg gta tgt ggc tgg 1555

His Tyr Tyr Ile Phe Phe Leu Phe Phe Leu Ser Met Val Cys Gly Trp

470

475

480

att ata tat gga tct ttc atc tat ttg tcc agt cat tgt gcc aca aca 1603

Ile Ile Tyr Gly Ser Phe Ile Tyr Leu Ser Ser His Cys Ala Thr Thr

485

490

495

500

ttc aaa gaa gat gga tta tgg act tac ctc aat cag att gtg gcc tgt 1651

Phe Lys Glu Asp Gly Leu Trp Thr Tyr Leu Asn Gln Ile Val Ala Cys

505

510

515

tcc cct tgg gtt tta tat atc ttg atg cta gca act ttc cat ttc tca 1699

Ser Pro Trp Val Leu Tyr Ile Leu Met Leu Ala Thr Phe His Phe Ser

520

525

530

tgg tca aca ttt tta tta tta aat caa ctc ttt cag att gcc ttt ctg 1747

Trp Ser Thr Phe Leu Leu Leu Asn Gln Leu Phe Gln Ile Ala Phe Leu

535

540

545

ggc ctg acc tcc cat gag aga atc agc ctg cag aag cag agc aag cat 1795

Gly Leu Thr Ser His Glu Arg Ile Ser Leu Gln Lys Gln Ser Lys His

550

555

560

atg aaa cag acg ttg tcc ctc agg aag aca cca tac aat ctt gga ttc 1843

Met Lys Gln Thr Leu Ser Leu Arg Lys Thr Pro Tyr Asn Leu Gly Phe

565

570

575

580

atg cag aac ctg gca gat ttc ttt cag tgt ggc tgc ttt ggc ttg gtg 1891

Met Gln Asn Leu Ala Asp Phe Phe Gln Cys Gly Cys Phe Gly Leu Val

585

590

595

aag ccc tgt gtg gta gat tgg aca tca cag tac acc atg gtc ttt cac 1939

Lys Pro Cys Val Val Asp Trp Thr Ser Gln Tyr Thr Met Val Phe His

600

605

610

cca gcc agg gag aag gtt ctt cgc tca gta tgaagaaaag caacccaaaa 1989

Pro Ala Arg Glu Lys Val Leu Arg Ser Val

615

620

ctctcaatct gatttgTTTT tgtttatgtc gatgccctgt agtttgaaag tgaagtaaag 2049

atttagaatt cacctaagtc caaaggaaaa cacgtggttt ttaaagccat taggtaaaaa 2109

aagttctcaa taaaggcatt acaatttttt aggttttagaa agatggactt ttctgataaa 2169

tcttggcaga catctaaaaa aaaaaccata tttttcacia gaaaatgcaa gttacttttt 2229

ttggaaataa tactcactga ttatggataa aatggaatat tttcagatac tatattggct 2289

gtttcaaaat agtactattc tttaaacttg taatttttgc taagttattt gtctttgttg 2349

tatctataaa tatgtaaaaa atatttaa atagatgtacct gttttgcttt cacacttaat 2409

aaaaaatttt tttttgt 2426

<210> 55

<211> 257

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 55

Met Ala Ser Lys Ile Gly Ser Arg Arg Trp Met Leu Gln Leu Ile Met

1 5 10 15

Gln Leu Gly Ser Val Leu Leu Thr Arg Cys Pro Phe Trp Gly Cys Phe

20 25 30

Ser Gln Leu Met Leu Tyr Ala Glu Arg Ala Glu Ala Arg Arg Lys Pro

35 40 45

Asp Ile Pro Val Pro Tyr Leu Tyr Phe Asp Met Gly Ala Ala Val Leu

50 55 60

Cys Ala Ser Phe Met Ser Phe Gly Val Lys Arg Arg Trp Phe Ala Leu

65 70 75 80

Gly Ala Ala Leu Gln Leu Ala Ile Ser Thr Tyr Ala Ala Tyr Ile Gly

85 90 95

Gly Tyr Val His Tyr Gly Asp Trp Leu Lys Val Arg Met Tyr Ser Arg

100 105 110

Thr Val Ala Ile Ile Gly Gly Phe Leu Val Leu Ala Ser Gly Ala Gly

115 120 125

Glu Leu Tyr Arg Arg Lys Pro Arg Ser Arg Ser Leu Gln Ser Thr Gly

130 135 140

Gln Val Phe Leu Gly Ile Tyr Leu Ile Cys Val Ala Tyr Ser Leu Gln
145 150 155 160

His Ser Lys Glu Asp Arg Leu Ala Tyr Leu Asn His Leu Pro Gly Gly
165 170 175

Glu Leu Met Ile Gln Leu Phe Phe Val Leu Tyr Gly Ile Leu Ala Leu
180 185 190

Ala Phe Leu Ser Gly Tyr Tyr Val Thr Leu Ala Ala Gln Ile Leu Ala
195 200 205

Val Leu Leu Pro Pro Val Met Leu Leu Ile Asp Gly Asn Val Ala Tyr
210 215 220

Trp His Asn Thr Arg Arg Val Glu Phe Trp Asn Gln Met Lys Leu Leu
225 230 235 240

Gly Glu Ser Val Gly Ile Phe Gly Thr Ala Val Ile Leu Ala Thr Asp
245 250 255

Gly

<210> 56

<211> 1520

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (10)..(780)

<400> 56

tttcccaag atg gcg tcg aag ata ggt tcg aga cgg tgg atg ttg cag ctg 51

Met Ala Ser Lys Ile Gly Ser Arg Arg Trp Met Leu Gln Leu

1

5

10

atc atg cag ttg ggt tcg gtg ctg ctc aca cgc tgc ccc ttt tgg ggc 99

Ile Met Gln Leu Gly Ser Val Leu Leu Thr Arg Cys Pro Phe Trp Gly

15

20

25

30

tgc ttc agc cag ctc atg ctg tac gct gag agg gct gag gca cgc cgg 147

Cys Phe Ser Gln Leu Met Leu Tyr Ala Glu Arg Ala Glu Ala Arg Arg

35

40

45

aag ccc gac atc cca gtg cct tac ctg tat ttc gac atg ggg gca gcc 195

Lys Pro Asp Ile Pro Val Pro Tyr Leu Tyr Phe Asp Met Gly Ala Ala

50

55

60

gtg ctg tgc gct agt ttc atg tcc ttt ggc gtg aag cgg cgc tgg ttc 243

Val Leu Cys Ala Ser Phe Met Ser Phe Gly Val Lys Arg Arg Trp Phe

65

70

75

gcg ctg ggg gcc gca ctc caa ttg gcc att agc acc tac gcc gcc tac 291

Ala Leu Gly Ala Ala Leu Gln Leu Ala Ile Ser Thr Tyr Ala Ala Tyr

80

85

90

atc ggg ggc tac gtc cac tac ggg gac tgg ctg aag gtc cgt atg tac 339

Ile Gly Gly Tyr Val His Tyr Gly Asp Trp Leu Lys Val Arg Met Tyr

95

100

105

110

tcg cgc aca gtt gcc atc atc ggc ggc ttt ctt gtg ttg gcc agc ggt 387

Ser Arg Thr Val Ala Ile Ile Gly Gly Phe Leu Val Leu Ala Ser Gly

115

120

125

gct ggg gag ctg tac cgc cgg aaa cct cgc agc cgc tcc ctg cag tcc 435

Ala Gly Glu Leu Tyr Arg Arg Lys Pro Arg Ser Arg Ser Leu Gln Ser

130

135

140

acc ggc cag gtg ttc ctg ggt atc tac ctc atc tgt gtg gcc tac tca 483

Thr Gly Gln Val Phe Leu Gly Ile Tyr Leu Ile Cys Val Ala Tyr Ser

145

150

155

ctg cag cac agc aag gag gac cgg ctg gcg tat ctg aac cat ctc cca 531

Leu Gln His Ser Lys Glu Asp Arg Leu Ala Tyr Leu Asn His Leu Pro

160

165

170

gga ggg gag ctg atg atc cag ctg ttc ttc gtg ctg tat ggc atc ctg 579

Gly Gly Glu Leu Met Ile Gln Leu Phe Phe Val Leu Tyr Gly Ile Leu

175

180

185

190

gcc ctg gcc ttt ctg tca ggc tac tac gtg acc ctc gct gcc cag atc 627

Ala Leu Ala Phe Leu Ser Gly Tyr Tyr Val Thr Leu Ala Ala Gln Ile

195

200

205

ctg gct gta ctg ctg ccc cct gtc atg ctg ctc att gat ggc aat gtt 675

Leu Ala Val Leu Leu Pro Pro Val Met Leu Leu Ile Asp Gly Asn Val

210

215

220

gct tac tgg cac aac acg cgg cgt gtt gag ttc tgg aac cag atg aag 723

Ala Tyr Trp His Asn Thr Arg Arg Val Glu Phe Trp Asn Gln Met Lys

225

230

235

ctc ctt gga gag agt gtg ggc atc ttc gga act gct gtc atc ctg gcc 771

Leu Leu Gly Glu Ser Val Gly Ile Phe Gly Thr Ala Val Ile Leu Ala

240

245

250

act gat ggc tgagttttat ggcaagaggc tgagatgggc acagggagcc 820

Thr Asp Gly

255

actgagggtc accctgcctt cctccttgct ggcccagctg ctgtttattt atgctttttg 880

gtctgtttgt ttgatctttt gcttttttaa aattgttttt tgcagttaag aggcagctca 940

tttgtccaaa tttctgggct cagcgttgg gagggcagga gccctggcac taatgctgta 1000

caggtttttt tcctgttagg agagctgagg ccagctgccc actgagtctc ctgtccctga 1060

gaagggagta tggcagggtt gggatgcggc tactgagagt gggagagtgg gagacagagg 1120

aaggaagatg gagattggaa gtgagcaaat gtgaaaaatt cctctttgaa cctggcagat 1180

gcagctaggc tctgcagtgc tgtttggaga ctgtgagagg gagtgtgtgt gttgacacat 1240

gtggatcagg cccaggaagg gcacaggggc tgagcactac agaagtcaca tgggttctca 1300

gggtatgcca ggggcagaaa cagtaccggc tctctgtcac tcaccttgag agtagagcag 1360

accctgttct gctctgggct gtgaaggggt ggagcaggca gtggccagct ttgcccttcc 1420

tgctgtctct gtttctagct ccatggttgg cctggtgggg gtggagtcc ctcccaaaca 1480

ccagaccaca cagtcctcca aaaataaaca ttttatatag 1520

<210> 57

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 57

Met Ala Leu Phe Ala Gly Gly Lys Leu Arg Val His Leu Asp Ile Gln

1 5 10 15

Val Gly Glu His Ala Asn Asn Tyr Pro Glu Ile Ala Ala Lys Asp Lys

20 25 30

Leu Thr Glu Leu Gln Leu Arg Ala Arg Gln Leu Leu Asp Gln Val Glu

35 40 45

Gln Ile Gln Lys Glu Gln Asp Tyr Gln Arg Tyr Arg Glu Glu Arg Phe

50 55 60

Arg Leu Thr Ser Glu Ser Thr Asn Gln Arg Val Leu Trp Trp Ser Ile
65 70 75 80

Ala Gln Thr Val Ile Leu Ile Leu Thr Gly Ile Trp Gln Met Arg His
85 90 95

Leu Lys Ser Phe Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val
100 105

<210> 58

<211> 1496

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (9)..(329)

<400> 58

ctaccagg atg gct ctc ttc gct ggt ggc aaa ctg cgt gtg cat ctc gac 50

Met Ala Leu Phe Ala Gly Gly Lys Leu Arg Val His Leu Asp

1

5

10

atc cag gtt ggg gag cat gcc aac aac tac cct gag att gct gca aaa 98

Ile Gln Val Gly Glu His Ala Asn Asn Tyr Pro Glu Ile Ala Ala Lys

15

20

25

30

gat aag ctg acg gag cta cag ctc cgc gcc cgc cag ttg ctt gat cag 146

Asp Lys Leu Thr Glu Leu Gln Leu Arg Ala Arg Gln Leu Leu Asp Gln

35

40

45

gtg gaa cag att cag aag gag cag gat tac caa agg tat cgt gaa gag 194

Val Glu Gln Ile Gln Lys Glu Gln Asp Tyr Gln Arg Tyr Arg Glu Glu

50

55

60

cgc ttc cga ctg acg agc gag agc acc aac cag agg gtc cta tgg tgg 242

Arg Phe Arg Leu Thr Ser Glu Ser Thr Asn Gln Arg Val Leu Trp Trp

65

70

75

tcc att gct cag act gtc atc ctc atc ctc act ggc atc tgg cag atg 290

Ser Ile Ala Gln Thr Val Ile Leu Ile Leu Thr Gly Ile Trp Gln Met

80

85

90

cgt cac ctc aag agc ttc ttt gag gcc aag aag ctg gtg tagtgcctc 339

Arg His Leu Lys Ser Phe Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val

95

100

105

tttgtatgac ccttcctttt tacctcattt atttggtact ttccccacac agtcctttat 399

ccacctggat ttttagggaa aaaaaatgaa aaagaataag tcacattggt tccatggcca 459

caaaccattc agatcagcca ctgtctgacc ctggttctta aggacacatg acattagtcc 519

aatctttcaa aatcttgtct tagggcttgt gaggaatcag aactaaccca ggactcagtc 579

ctgcttcttt tgcctcgagt gattttcctc tgtttttcac taaataagca aatgaaaact 639

ctctccatta ccttctgctt tctctttgtc cacttacgca gtaggtgact ggcatgtgcc 699

acagagcagg cctgcctca ctgtctgctg gtcagttctg ggttcactta atggctttgt 759

gaatgtaaat aaggggcagg tcttggcct agaggattga gatgttttc tatacttag 819

aactatTTTT ggataaatta tatatttcc ttcttagtag aagtgttact gcctgtaact 879

agctcaaaat accaatgcag tttctgcatt ctgggttttg ttttctttt tttttttt 939

tttttgagt tttgctcttg tcgccaggc tggagtcaa tggcgtgatc tcagctcact 999

ggcaacatct gcctcccggg ttcaaatgat tctcctgcct cagtctcctg agtagctggg 1059

attacagtg cccgccacca cgctcagcta atttttgtat ttttagtaga gatggggttt 1119

taccatgttg gccaggctgg tcttagactc ctgacctcag ttgatccacc tgcctcagcc 1179

tctgcattca gtttattcac atatttttgg taactcccat ggcagctcct aggatttcag 1239

cggctctgtg gccagaaagc aggcaccagg gctgacctca aggccgtatc agagggccaa 1299

gcagagttct tttggatacc tgcttttcat cccacagggc cttagagtca gaggtaaggt 1359

agcaacagag ctagaatggg gcaatgcact cttacctcc ttctcaactt ttatttaagc 1419

tgtgctaaat gttttcttca agggaaccag atttagttct ttacagaatt ttccagtga 1479

ataaaacatg ttgtaat

1496

<210> 59

<211> 272

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 59

Met Met Ile His Gly Phe Gln Ser Ser His Arg Asp Phe Cys Phe Gly

1

5

10

15

Pro Trp Lys Leu Thr Ala Ser Lys Thr His Ile Met Lys Ser Ala Asp

20

25

30

Val Glu Lys Leu Ala Asp Glu Leu His Met Pro Ser Leu Pro Glu Met

35

40

45

Met Phe Gly Asp Asn Val Leu Arg Ile Gln His Gly Ser Gly Phe Gly

50

55

60

Ile Glu Phe Asn Ala Thr Asp Ala Leu Arg Cys Val Asn Asn Tyr Gln

65

70

75

80

Gly Met Leu Lys Val Ala Cys Ala Glu Glu Trp Gln Glu Ser Arg Thr

85

90

95

Glu Gly Glu His Ser Lys Glu Val Ile Lys Pro Tyr Asp Trp Thr Tyr

100

105

110

Thr Thr Asp Tyr Lys Gly Thr Leu Leu Gly Glu Ser Leu Lys Leu Lys
115 120 125

Val Val Pro Thr Thr Asp His Ile Asp Thr Glu Lys Leu Lys Ala Arg
130 135 140

Glu Gln Ile Lys Phe Phe Glu Glu Val Leu Leu Phe Glu Asp Glu Leu
145 150 155 160

His Asp His Gly Val Ser Ser Leu Ser Val Lys Ile Arg Val Met Pro
165 170 175

Ser Ser Phe Phe Leu Leu Leu Arg Phe Phe Leu Arg Ile Asp Gly Val
180 185 190

Leu Ile Arg Met Asn Asp Thr Arg Leu Tyr His Glu Ala Asp Lys Thr
195 200 205

Tyr Met Leu Arg Glu Tyr Thr Ser Arg Glu Ser Lys Ile Ser Ser Leu
210 215 220

Met His Val Pro Pro Ser Leu Phe Thr Glu Pro Asn Glu Ile Ser Gln
225 230 235 240

Tyr Leu Pro Ile Lys Glu Ala Val Cys Glu Lys Leu Ile Phe Pro Glu
245 250 255

Arg Ile Asp Pro Asn Pro Ala Asp Ser Gln Lys Ser Thr Gln Val Glu

260

265

270

<210> 60

<211> 1916

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (117)..(932)

<400> 60

atggtaacgg ctcggaagcc taggaggctg ggccggaggg aggcggagga accggtgttc 60

gccgccgccg ctgcttcagc ttattccttg tggcctctgc gggtcctgcc tcagcc atg 119

Met

1

atg atc cac ggc ttc cag agc agc cac cgg gat ttc tgc ttc ggg ccc 167

Met Ile His Gly Phe Gln Ser Ser His Arg Asp Phe Cys Phe Gly Pro

5

10

15

tgg aag ctg acg gcg tcc aag acc cac atc atg aag tcg gcg gat gtg 215

Trp Lys Leu Thr Ala Ser Lys Thr His Ile Met Lys Ser Ala Asp Val

20

25

30

gag aaa tta gcc gat gaa tta cat atg cca tct ctc cct gaa atg atg 263

Glu Lys Leu Ala Asp Glu Leu His Met Pro Ser Leu Pro Glu Met Met

35

40

45

ttt gga gac aac gtt tta aga atc cag cat ggg tct ggc ttt gga att 311

Phe Gly Asp Asn Val Leu Arg Ile Gln His Gly Ser Gly Phe Gly Ile

50

55

60

65

gag ttc aat gct aca gat gcg tta aga tgt gta aac aac tac caa gga 359

Glu Phe Asn Ala Thr Asp Ala Leu Arg Cys Val Asn Asn Tyr Gln Gly

70

75

80

atg ctt aaa gtg gcc tgt gct gaa gag tgg caa gaa agc agg acg gag 407

Met Leu Lys Val Ala Cys Ala Glu Glu Trp Gln Glu Ser Arg Thr Glu

85

90

95

ggt gaa cac tcc aaa gag gtt att aaa cca tat gat tgg acc tat aca 455

Gly Glu His Ser Lys Glu Val Ile Lys Pro Tyr Asp Trp Thr Tyr Thr

100

105

110

aca gat tat aag gga acc tta ctt gga gaa tct ctt aag tta aag gtt 503

Thr Asp Tyr Lys Gly Thr Leu Leu Gly Glu Ser Leu Lys Leu Lys Val

115

120

125

gta cct aca aca gat cat ata gat aca gaa aaa ttg aaa gcc aga gaa 551

Val Pro Thr Thr Asp His Ile Asp Thr Glu Lys Leu Lys Ala Arg Glu

130

135

140

145

cag att aag ttt ttt gaa gaa gtt ctc ctt ttt gag gat gaa ctt cat 599

Gln Ile Lys Phe Phe Glu Glu Val Leu Leu Phe Glu Asp Glu Leu His

150

155

160

gat cat gga gtt tca agc ctg agt gtg aag att aga gta atg cct tct 647
 Asp His Gly Val Ser Ser Leu Ser Val Lys Ile Arg Val Met Pro Ser

165

170

175

agc ttt ttc ctg ctg ttg cgg ttt ttc ttg aga att gat ggg gtg ctt 695
 Ser Phe Phe Leu Leu Leu Arg Phe Phe Leu Arg Ile Asp Gly Val Leu

180

185

190

atc aga atg aat gac acg aga ctt tac cat gag gct gac aag acc tac 743
 Ile Arg Met Asn Asp Thr Arg Leu Tyr His Glu Ala Asp Lys Thr Tyr

195

200

205

atg tta cga gaa tat acg tca cga gaa agc aaa att tct agt ttg atg 791
 Met Leu Arg Glu Tyr Thr Ser Arg Glu Ser Lys Ile Ser Ser Leu Met

210

215

220

225

cat gtt cca cct tcc ctc ttc acg gaa cct aat gaa ata tcc cag tat 839
 His Val Pro Pro Ser Leu Phe Thr Glu Pro Asn Glu Ile Ser Gln Tyr

230

235

240

tta cca ata aag gaa gca gtt tgt gag aag cta ata ttt cca gaa aga 887
 Leu Pro Ile Lys Glu Ala Val Cys Glu Lys Leu Ile Phe Pro Glu Arg

245

250

255

att gat cct aac cca gca gac tca caa aaa agt aca caa gtg gaa 932
 Ile Asp Pro Asn Pro Ala Asp Ser Gln Lys Ser Thr Gln Val Glu

260

265

270

taaaatgtga tacaacatat actcactatg gaatctgact ggacaccttg gctatttgta 992

aggggttatt tttattatga gaattaattg ccttgtttat gtacagattt tctgtagcct 1052

taaaggaaaa aaaaataaag atcgttacag gcaggtttca ctcaactgct atttgtagct 1112

tctgtcttca cattcatatt ccagatttat attttctgga gttaaatttg gatgatttct 1172

aaattatcac aaagtgggac ctacagcagta gtgatgtgtg tgtctcatga gcagttagca 1232

cagtctgcat tcatcatgaa aactatctt ctaccaggag gaggttaatg taaatcacca 1292

aatcccaatg ccttgtagct ttcataggat tctgatcat gcatgttgat gtactggctc 1352

ttcactttgg gctttctgat gttattcac acctttggag agttgcaact tgccacatac 1412

gaaattagtc tcatagtgtg gtgaacttca accccaaaat tttaaaaatg tatttcccc 1472

cagttttaaa ttgcctttga aatttaaaaa aaaaaattta gacttagtac cagaaccaa 1532

aatacctaga tttttggaga acttattaca tacatagaaa catgaatatg gtttaccwct 1592

gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtatacag actttttttt ttaacttggt gattcagatg 1652

tcttggtccc tgaatagtc tagattactt attttgagaa ttgattgta aaaattacag 1712

ggaattaaaa taattgcctt ttttttttta gagggtaaga gatgggtaga agagtatgcc 1772

tctgaaaatt ttattagttt attcttggtg agaataccaa gaaaatgtgt atttgcccat 1832

tgctaaatat gatatatgcc attttgtatt tatttgtccc aagtgtcttt ttttaagagg 1892

agaataaaca ataaggaatt actg 1916

<210> 61

<211> 219

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 61

Met Asn Arg Leu Phe Gly Lys Ala Lys Pro Lys Ala Pro Pro Pro Ser

1 5 10 15

Leu Thr Asp Cys Ile Gly Thr Val Asp Ser Arg Ala Glu Ser Ile Asp

20 25 30

Lys Lys Ile Ser Arg Leu Asp Ala Glu Leu Val Lys Tyr Lys Asp Gln

35 40 45

Ile Lys Lys Met Arg Glu Gly Pro Ala Lys Asn Met Val Lys Gln Lys

50 55 60

Ala Leu Arg Val Leu Lys Gln Lys Arg Met Tyr Glu Gln Gln Arg Asp

65 70 75 80

Asn Leu Ala Gln Gln Ser Phe Asn Met Glu Gln Ala Asn Tyr Thr Ile

85 90 95

Gln Ser Leu Lys Asp Thr Lys Thr Thr Val Asp Ala Met Lys Leu Gly
 100 105 110

Val Lys Glu Met Lys Lys Ala Tyr Lys Gln Val Lys Ile Asp Gln Ile
 115 120 125

Glu Asp Leu Gln Asp Gln Leu Glu Asp Met Met Glu Asp Ala Asn Glu
 130 135 140

Ile Gln Glu Ala Leu Ser Arg Ser Tyr Gly Thr Pro Glu Leu Asp Glu
 145 150 155 160

Asp Asp Leu Glu Ala Glu Leu Asp Ala Leu Gly Asp Glu Leu Leu Ala
 165 170 175

Asp Glu Asp Ser Ser Tyr Leu Asp Glu Ala Ala Ser Ala Pro Ala Ile
 180 185 190

Pro Glu Gly Val Pro Thr Asp Thr Lys Asn Lys Asp Gly Val Leu Val
 195 200 205

Asp Glu Phe Gly Leu Pro Gln Ile Pro Ala Ser
 210 215

<210> 62

<211> 1362

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (49)..(705)

<400> 62

gttttctggt ttgctctag tgtttgggtt tcttcgcggc tgctcaag atg aac cga 57

Met Asn Arg

1

ctc ttc ggg aaa gcg aaa ccc aag gct ccg ccg ccc agc ctg act gac 105

Leu Phe Gly Lys Ala Lys Pro Lys Ala Pro Pro Pro Ser Leu Thr Asp

5

10

15

tgc att ggc acg gtg gac agt aga gca gaa tcc att gac aag aag att 153

Cys Ile Gly Thr Val Asp Ser Arg Ala Glu Ser Ile Asp Lys Lys Ile

20

25

30

35

tct cga ttg gat gct gag cta gtg aag tat aag gat cag atc aag aag 201

Ser Arg Leu Asp Ala Glu Leu Val Lys Tyr Lys Asp Gln Ile Lys Lys

40

45

50

atg aga gag ggt cct gca aag aat atg gtc aag cag aaa gcc ttg cga 249

Met Arg Glu Gly Pro Ala Lys Asn Met Val Lys Gln Lys Ala Leu Arg

55

60

65

gtt tta aag caa aag agg atg tat gag cag cag cgg gac aat ctt gcc 297

Val Leu Lys Gln Lys Arg Met Tyr Glu Gln Gln Arg Asp Asn Leu Ala

70	75	80	
caa cag tca ttc aac atg gaa caa gcc aat tat acc atc cag tct ttg	345		
Gln Gln Ser Phe Asn Met Glu Gln Ala Asn Tyr Thr Ile Gln Ser Leu			
85	90	95	
aag gac acc aag acc acg gtt gat gct atg aaa ctg gga gta aag gaa	393		
Lys Asp Thr Lys Thr Thr Val Asp Ala Met Lys Leu Gly Val Lys Glu			
100	105	110	115
atg aag aag gca tac aag caa gtg aag atc gac cag att gag gat tta	441		
Met Lys Lys Ala Tyr Lys Gln Val Lys Ile Asp Gln Ile Glu Asp Leu			
120	125	130	
caa gac cag cta gag gat atg atg gaa gat gca aat gaa atc caa gaa	489		
Gln Asp Gln Leu Glu Asp Met Met Glu Asp Ala Asn Glu Ile Gln Glu			
135	140	145	
gca ctg agt cgc agt tat ggc acc cca gaa ctg gat gaa gat gat tta	537		
Ala Leu Ser Arg Ser Tyr Gly Thr Pro Glu Leu Asp Glu Asp Asp Leu			
150	155	160	
gaa gca gag ttg gat gca cta ggt gat gag ctt ctg gct gat gaa gac	585		
Glu Ala Glu Leu Asp Ala Leu Gly Asp Glu Leu Leu Ala Asp Glu Asp			
165	170	175	
agt tct tat ttg gat gag gca gca tct gca cct gca att cca gaa ggt	633		
Ser Ser Tyr Leu Asp Glu Ala Ala Ser Ala Pro Ala Ile Pro Glu Gly			
180	185	190	195

g t t c c c a c t g a t a c a a a a a c a a g g a t g g a g t t c t g g t g g a t g a a t t t 681

Val Pro Thr Asp Thr Lys Asn Lys Asp Gly Val Leu Val Asp Glu Phe

200

205

210

g g a t t g c c a c a g a t c c c t g c t t c a t a g a t t t g c a t c a t t c a a g c a t a t c t t g t a 735

Gly Leu Pro Gln Ile Pro Ala Ser

215

a a a c a a a c a c a t a t t a t g g g a c t a g g a a a t a t t t a t c t t t c c a a a t t t g c c a t a a c a g a t 795

t t a g g t t t c t t t c c t t t t c t t t g a a g g a a a g t t t a a t t a c a t t g c t c t t t t a t t t t t c c a 855

t t a a g a g a c t c a t t g c t t g g a a a t g c t t t c t t c g t a c t a a a a t t t g a t t c c t t t t t t t t 915

c t t a t g a a a a a c g a a c t c a g t t t a a a a g t a t t t t t a g c t c g t a t g a c t t g t t t c a t t c a 975

t t a a t a a t a a t t t g a a a t a a a a c t a a g g a a a t g g a a t c t t a a a a g t c t a t g a c a g t g t a a 1035

c t c t a c a g t c t c a a a t g a c c t g a t a a a t t g a t a a g a c a a a g a t g a g a t t a t t g g g g c t g 1095

t t c a t a t t a t g a t t c a g a a t c a t t t t t c t a t t g t g g t a t t a t a g g t t g g t t a a a g t g a t g g 1155

c c t t t t t g a t g g g t t t t g t t g t g t c t t g t g a a a g t c g t t a c t g t g t c c a t t a t t g g a a 1215

t g g a a t t a t c a c t a c t g t a t c a t g a g t g g g t a t t t t g a t t c t a t g g t t c c c t c a g t a t t a 1275

c a t c t t g a c t t g t a a t c a a t t a t g a a t a t t t c t t g a t a t t t a a t g t a t a g g a c a t t t a t t 1335

tataactcaat aaatattttt caaaagg

1362

<210> 63

<211> 622

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 63

Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro

1 5 10 15

Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro Gln Ser His Tyr Asn His Gly

20 25 30

Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr

35 40 45

Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg

50 55 60

Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn

65 70 75 80

Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val

85 90 95

Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp

100 105 110

Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Thr Arg Gln Gly His Leu Ser
115 120 125

Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp
130 135 140

Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu Ala Ala Gln Phe Gly His Thr
145 150 155 160

Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys Gly Gln Asp Val Asp Met Met
165 170 175

Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His
180 185 190

Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu Leu Thr Phe Asn Val Ser Val Asn
195 200 205

Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr Ala Leu His Trp Ala Val Leu
210 215 220

Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn
225 230 235 240

Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys
245 250 255

Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn His Leu Gln Glu Ala Arg Gln

260

265

270

Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp

275

280

285

Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile

290

295

300

Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile

305

310

315

320

Lys Gly Leu Met Tyr Gly Gly Val Trp Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser

325

330

335

Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile

340

345

350

Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe

355

360

365

Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile His Leu Pro Phe Leu Ala Asn

370

375

380

Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro

385

390

395

400

Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu

405

410

415

Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys

420

425

430

Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys His Cys Gly Val Cys Asn Arg

435

440

445

Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys Pro Trp Val Gly Asn Cys Val

450

455

460

Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu

465

470

475

480

Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu

485

490

495

His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr

500

505

510

Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser

515

520

525

Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr

530

535

540

Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg

545

550

555

560

Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe

565

570

575

Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile Asp Phe Phe Glu Phe Arg Cys
 580 585 590

Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr
 595 600 605

Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser Gly Tyr Gln Leu Val
 610 615 620

<210> 64

<211> 2948

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (14)..(1879)

<400> 64

atttaacacc aag atg gcg gac ggc ccg gat gag tac gat acc gaa gcg 49

Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp Thr Glu Ala

1 5 10

ggc tgt gtg ccc ctt ctc cac cca gag gaa atc aaa ccc caa agc cat 97

Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro Gln Ser His

15 20 25

tat aac cat gga tat ggt gaa cct ctt gga cgg aaa act cat att gat 145

Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr His Ile Asp

30

35

40

gat tac agc aca tgg gac ata gtc aag gct aca caa tat gga ata tat 193

Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr

45

50

55

60

gaa cgc tgt cga gaa ttg gtg gaa gca ggt tat gat gta cgg caa ccg 241

Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro

65

70

75

gac aaa gaa aat gtt acc ctc ctc cat tgg gct gcc atc aat aac aga 289

Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg

80

85

90

ata gat tta gtc aaa tac tat att tcg aaa ggt gct att gtg gat caa 337

Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile Val Asp Gln

95

100

105

ctt gga ggg gac ctg aat tca act cca ttg cac tgg gcc aca aga caa 385

Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Thr Arg Gln

110

115

120

ggc cat cta tcc atg gtt gtg caa cta atg aaa tat ggt gca gat cct 433

Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly Ala Asp Pro

125

130

135

140

tca tta att gat gga gaa gga tgt agc tgt att cat ctg gct gct cag 481

Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu Ala Ala Gln

145

150

155

ttc gga cat acc tca att gtt gct tat ctc ata gca aaa gga cag gat 529

Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys Gly Gln Asp

160

165

170

gta gat atg atg gat cag aat gga atg acg cct tta atg tgg gca gca 577

Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met Trp Ala Ala

175

180

185

tat aga aca cat agt gtg gat cca act aga ttg ctt tta aca ttc aat 625

Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu Leu Thr Phe Asn

190

195

200

gtt tca gtt aac ctt ggt gac aag tat cac aaa aac act gct ctg cat 673

Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr Ala Leu His

205

210

215

220

tgg gca gtg cta gca ggg aat acc aca gtc att agc ctt ctt ctg gaa 721

Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu Leu Leu Glu

225

230

235

gct gga gct aat gtt gat gcc cag aat atc aag ggc gaa tca gcg ctt 769

Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu Ser Ala Leu

240

245

250

gat ttg gca aaa cag aga aaa aat gtg tgg atg atc aac cac tta caa 817

Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn His Leu Gln

255	260	265	
gag gca agg caa gca aaa gga tat gac aat ccg tcc ttc ctt aga aag			865
Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe Leu Arg Lys			
270	275	280	
ctg aaa gct gat aag gaa ttt cgg cag aaa gta atg tta gga act cct			913
Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu Gly Thr Pro			
285	290	295	300
ttc cta gtt att tgg ctg gtt ggg ttt ata gca gac cta aat att gat			961
Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu Asn Ile Asp			
305	310	315	
tct tgg ctc att aaa ggg cta atg tat ggt ggt gtt tgg gct aca gta			1009
Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly Gly Val Trp Ala Thr Val			
320	325	330	
cag ttt ctt tca aaa tcc ttt ttc gat cat tca atg cat agt gca ttg			1057
Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His Ser Ala Leu			
335	340	345	
ccc ctt ggg ata tat ttg gca acc aaa ttc tgg atg tat gtg acg tgg			1105
Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr Val Thr Trp			
350	355	360	
ttc ttc tgg ttt tgg aat gat ctc aac ttt tta ttt atc cat ctt cca			1153
Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile His Leu Pro			
365	370	375	380

ttc ctt gcc aat agt gtt gca ctt ttc tac aat ttt gga aaa tct tgg 1201
Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly Lys Ser Trp
385 390 395

aaa tca gat cca ggg att att aaa gca aca gaa gag caa aag aaa aag 1249
Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln Lys Lys Lys
400 405 410

aca ata gtt gaa ctt gca gag aca gga agt ctg gac ctc agt ata ttc 1297
Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu Ser Ile Phe
415 420 425

tgc agt acc tgt ttg ata cga aaa ccg gtg agg tcc aaa cat tgt ggt 1345
Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys His Cys Gly
430 435 440

gtg tgc aac cgc tgt ata gca aaa ttt gat cat cat tgc cca tgg gtg 1393
Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys Pro Trp Val
445 450 455 460

ggt aac tgt gta ggt gca ggc aac cat aga tat ttt atg ggc tac cta 1441
Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met Gly Tyr Leu
465 470 475

ttc ttc ttg ctt ttt atg atc tgc tgg atg att tat ggt tgt ata tct 1489
Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly Cys Ile Ser
480 485 490

tac tgg gga ctc cac tgt gag acc act tac acc aag gat gga ttt tgg 1537

Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp Gly Phe Trp

495

500

505

aca tac att act cag att gcc acg tgt tca cct tgg atg ttt tgg atg 1585

Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met Phe Trp Met

510

515

520

ttc ctg aac agt gtt ttc cac ttc atg tgg gtg gct gta tta ctc atg 1633

Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val Leu Leu Met

525

530

535

540

tgt cag atg tac cag ata tca tgt tta ggt att act aca aat gaa aga 1681

Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr Asn Glu Arg

545

550

555

atg aat gcc agg aga tac aag cac ttt aaa gtc aca aca acg tct att 1729

Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr Thr Ser Ile

560

565

570

gaa agc cca ttc aac cat gga tgt gta aga aat att ata gac ttc ttt 1777

Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile Asp Phe Phe

575

580

585

gaa ttt cga tgc tgt ggc ctc ttt cgt cct gtt atc gtg gac tgg acc 1825

Glu Phe Arg Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val Asp Trp Thr

590

595

600

agg cag tat aca ata gaa tat gac caa ata tca gga tct ggg tac cag 1873

Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser Gly Tyr Gln

605

610

615

620

ctg gtg tagcgacatc ttatcctatg aagcatattg ctgagtgggtg cctgaaaatt 1929

Leu Val

gtgtctgtcc gtgtctttct cacactcgaa tccacatcct ttgaacaaga gcatgctatg 1989

tgtagggcta atgggtgaatt ttacagtcct ttttcaaca cttttattaa caaaagtaaa 2049

catggacaga acacactgcc atttctggga agagtaaaga tgataaaaaa taattttaat 2109

ggttcttaat gtggaaattc acaacatact caacttttgg gttttgttct cacagtattt 2169

ttcacaaaaa aagggtaaac ttattctatt gacagacatg gtgtactgat cagaaatggt 2229

cagttttaac taaaactaaa tttatgttat ttggctaaat gttatgatgc agtctagtac 2289

gagtattgca tctaattcca ggagcattgt ttttaagttga ttgactagtt attatgtaca 2349

tttcagaatg tacacataaa tactgtgatg aaaatcatgt gattgggac tactgtgatg 2409

ttgtcttcaa aggcaggaga aaataatggt cacaataaaa tgtgctaaca atgttttgtt 2469

tctatcagct gttgcaatgc tgatatattt ctagttcagt gaaataattt gtagtaacct 2529

tactctgagg ttttacggtc tgataatgaa gcacttgcag gagtatagta agtcatgttt 2589

ttttgttcaa atttaaaagc cctgctaatt gcatgacaca ccacatagaa tgtatactag 2649

cagatactat ccagtgaagc ataaattaga atttaatttg atgttcaaaa acagttccat 2709

ttttaagggt taagggtgta ttttcaagaa aaggcagaac aaataatgca aaattctcag 2769

taatagtgat acatggatat acttcctttt aaattctcag ctgcaaaaata attgtagaca 2829

aaataatggc atttaactaa agatggagca tgatctgtgt acatagcaca tgtgaataaa 2889

agaaaagctg acagtatatt ctggtttcaa taaaatgacc tatcagaaag tagaatttc 2948

<210> 65

<211> 632

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 65

Met Gln Arg Glu Glu Gly Phe Asn Thr Lys Met Ala Asp Gly Pro Asp

1

5

10

15

Glu Tyr Asp Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu

20

25

30

Ile Lys Pro Gln Ser His Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly

35

40

45

Arg Lys Thr His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala

50

55

60

Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly
65 70 75 80

Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp
85 90 95

Ala Ala Ile Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys
100 105 110

Gly Ala Ile Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu
115 120 125

His Trp Ala Thr Arg Gln Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met
130 135 140

Lys Tyr Gly Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys
145 150 155 160

Ile His Leu Ala Ala Gln Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu
165 170 175

Ile Ala Lys Gly Gln Asp Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr
180 185 190

Pro Leu Met Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg
195 200 205

Leu Leu Leu Thr Phe Asn Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His

210

215

220

Lys Asn Thr Ala Leu His Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val

225

230

235

240

Ile Ser Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile

245

250

255

Lys Gly Glu Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp

260

265

270

Met Ile Asn His Leu Gln Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn

275

280

285

Pro Ser Phe Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys

290

295

300

Val Met Leu Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile

305

310

315

320

Ala Asp Leu Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly

325

330

335

Gly Val Trp Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His

340

345

350

Ser Met His Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe

355

360

365

Trp Met Tyr Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe

370

375

380

Leu Phe Ile His Leu Pro Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr

385

390

395

400

Asn Phe Gly Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr

405

410

415

Glu Glu Gln Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser

420

425

430

Leu Asp Leu Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val

435

440

445

Arg Ser Lys His Cys Gly Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp

450

455

460

His His Cys Pro Trp Val Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg

465

470

475

480

Tyr Phe Met Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met

485

490

495

Ile Tyr Gly Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr

500

505

510

Thr Lys Asp Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser

515

520

525

Pro Trp Met Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp

530

535

540

Val Ala Val Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly

545

550

555

560

Ile Thr Thr Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys

565

570

575

Val Thr Thr Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg

580

585

590

Asn Ile Ile Asp Phe Phe Glu Phe Arg Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro

595

600

605

Val Ile Val Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile

610

615

620

Ser Gly Ser Gly Tyr Gln Leu Val

625

630

<210> 66

<211> 4715

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (108)..(2003)

<400> 66

gaagaaggag gaggaggccc gcgtcgccctc cggcggggct cgcgctcgcc ccgcgctcgc 60

cctccgcctc gcccagagccc cgggagggtg aaacgctttc tcccagc atg cag cgg 116

Met Gln Arg

1

gag gag gga ttt aac acc aag atg gcg gac ggc ccg gat gag tac gat 164

Glu Glu Gly Phe Asn Thr Lys Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp

5

10

15

acc gaa gcg ggc tgt gtg ccc ctt ctc cac cca gag gaa atc aaa ccc 212

Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro

20

25

30

35

caa agc cat tat aac cat gga tat ggt gaa cct ctt gga cgg aaa act 260

Gln Ser His Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr

40

45

50

cat att gat gat tac agc aca tgg gac ata gtc aag gct aca caa tat 308

His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr

55

60

65

gga ata tat gaa cgc tgt cga gaa ttg gtg gaa gca ggt tat gat gta 356

Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val

70

75

80

cgg caa ccg gac aaa gaa aat gtt acc ctc ctc cat tgg gct gcc atc 404
 Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile

85

90

95

aat aac aga ata gat tta gtc aaa tac tat att tcg aaa ggt gct att 452
 Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile

100

105

110

115

gtg gat caa ctt gga ggg gac ctg aat tca act cca ttg cac tgg gcc 500
 Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala

120

125

130

aca aga caa ggc cat cta tcc atg gtt gtg caa cta atg aaa tat ggt 548
 Thr Arg Gln Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly

135

140

145

gca gat cct tca tta att gat gga gaa gga tgt agc tgt att cat ctg 596
 Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu

150

155

160

gct gct cag ttc gga cat acc tca att gtt gct tat ctc ata gca aaa 644
 Ala Ala Gln Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys

165

170

175

gga cag gat gta gat atg atg gat cag aat gga atg acg cct tta atg 692
 Gly Gln Asp Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met

180

185

190

195

tgg gca gca tat aga aca cat agt gtg gat cca act aga ttg ctt tta 740

Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu Leu

200

205

210

aca ttc aat gtt tca gtt aac ctt ggt gac aag tat cac aaa aac act 788

Thr Phe Asn Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr

215

220

225

gct ctg cat tgg gca gtg cta gca ggg aat acc aca gtc att agc ctt 836

Ala Leu His Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu

230

235

240

ctt ctg gaa gct gga gct aat gtt gat gcc cag aat atc aag ggc gaa 884

Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu

245

250

255

tca gcg ctt gat ttg gca aaa cag aga aaa aat gtg tgg atg atc aac 932

Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn

260

265

270

275

cac tta caa gag gca agg caa gca aaa gga tat gac aat ccg tcc ttc 980

His Leu Gln Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe

280

285

290

ctt aga aag ctg aaa gct gat aag gaa ttt cgg cag aaa gta atg tta 1028

Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu

295

300

305

gga act cct ttc cta gtt att tgg ctg gtt ggg ttt ata gca gac cta 1076

Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu

310

315

320

aat att gat tct tgg ctc att aaa ggg cta atg tat ggt ggt gtt tgg 1124

Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly Gly Val Trp

325

330

335

gct aca gta cag ttt ctt tca aaa tcc ttt ttc gat cat tca atg cat 1172

Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His

340

345

350

355

agt gca ttg ccc ctt ggg ata tat ttg gca acc aaa ttc tgg atg tat 1220

Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr

360

365

370

gtg acg tgg ttc ttc tgg ttt tgg aat gat ctc aac ttt tta ttt atc 1268

Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile

375

380

385

cat ctt cca ttc ctt gcc aat agt gtt gca ctt ttc tac aat ttt gga 1316

His Leu Pro Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly

390

395

400

aaa tct tgg aaa tca gat cca ggg att att aaa gca aca gaa gag caa 1364

Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln

405

410

415

aag aaa aag aca ata gtt gaa ctt gca gag aca gga agt ctg gac ctc 1412

Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu

420	425	430	435	
agt ata ttc tgc agt acc tgt ttg ata cga aaa ccg gtg agg tcc aaa Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys				1460
	440	445	450	
cat tgt ggt gtg tgc aac cgc tgt ata gca aaa ttt gat cat cat tgc His Cys Gly Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys				1508
	455	460	465	
cca tgg gtg ggt aac tgt gta ggt gca ggc aac cat aga tat ttt atg Pro Trp Val Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met				1556
	470	475	480	
ggc tac cta ttc ttc ttg ctt ttt atg atc tgc tgg atg att tat ggt Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly				1604
	485	490	495	
tgt ata tct tac tgg gga ctc cac tgt gag acc act tac acc aag gat Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp				1652
500	505	510	515	
gga ttt tgg aca tac att act cag att gcc acg tgt tca cct tgg atg Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met				1700
	520	525	530	
ttt tgg atg ttc ctg aac agt gtt ttc cac ttc atg tgg gtg gct gta Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val				1748
	535	540	545	

tta ctc atg tgt cag atg tac cag ata tca tgt tta ggt att act aca 1796
 Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr
 550 555 560

aat gaa aga atg aat gcc agg aga tac aag cac ttt aaa gtc aca aca 1844
 Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr
 565 570 575

acg tct att gaa agc cca ttc aac cat gga tgt gta aga aat att ata 1892
 Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile
 580 585 590 595

gac ttc ttt gaa ttt cga tgc tgt ggc ctc ttt cgt cct gtt atc gtg 1940
 Asp Phe Phe Glu Phe Arg Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val
 600 605 610

gac tgg acc agg cag tat aca ata gaa tat gac caa ata tca gga tct 1988
 Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser
 615 620 625

ggg tac cag ctg gtg tagcgacatc ttatcctatg aagcatattg ctgagtgggtg 2043
 Gly Tyr Gln Leu Val
 630

cctgaaaatt gtgtctgtcc gtgtctttct cacactcgaa tccacatcct ttgaacaaga 2103

gcatgctatg tgtagggcta atgggtgaatt ttacagtctt tttttcaaca cttttattaa 2163

caaaagtaaa catggacaga acacactgcc atttctggga agagtaaaga tgataaaaaa 2223

taattttaat ggttcttaat gtggaaattc acaacatact caacttttgg gttttgttct 2283

cacagtattt ttcacaaaaa aagggtaaac ttattctatt gacagacatg gtgtactgat 2343

cagaaatggt cagttttaac taaaactaaa tttatgttat ttggctaaat gttatgatgc 2403

agtctagtac gagtattgca tctaattcca ggagcattgt ttttaagttga ttgactagtt 2463

attatgtaca tttcagaatg tacacataaa tactgtgatg aaaatcatgt gattgggatc 2523

tactgtgatg ttgtcttcaa aggcaggaga aaataatggt cacaataaaa tgtgctaaca 2583

atgttttggt tctatcagct gttgcaatgc tgatatattt ctagttcagt gaaataattt 2643

gtagtaacct tactctgagg ttttacggtc tgataatgaa gcacttgcac gagtatagta 2703

agtcatgttt ttttggtcaa atttaaaagc cctgctaatt gcatgacaca ccacatagaa 2763

tgtatactag cagatactat ccagtgaagc ataaattaga atttaatttg atgttcaaaa 2823

acagttccat ttttaagggt taagggtgta ttttcaagaa aaggcagaac aaataatgca 2883

aaattctcag taatagtgat acatggatat acttccittt aaattctcag ctgcaaaaata 2943

attgtagaca aaataatggc atttaactaa agatggagca tgatctaagt acatagcaca 3003

tgtgaataaaa agaaaagctg acagtatatt ctggtttcaa taaaatgacc tatcagaaaag 3063

tagaatttca tccccaagag tatttcagtt tatccaatat tgagtaagtt ctgaaacagt 3123

tttagaaaaa attttctttt tgttaaatgt gatgcactga tcaatttttg tcacagcatt 3183

ttcatacctt catggtggac tactagtcac tgcttccata aatattgttt acagggtgag 3243

atttggttta ttcatcttaa gtgctgtagc aaactgtggt tcgagcaacc tgtgggaaat 3303

ctgtgagagg gaatggggtg ggagatgtgg gggaatgggtg gtcagactga tgacagatcc 3363

tagaccaatg taaagaatgt gtatctgtat ataaataatt tatcaaatag ttttctcttt 3423

gtgtctgtgt tagtgttttt aaagctgctc atttcatttt gtccaaccaa aaagaaaagg 3483

gagataacta atgagcttct agtgatgttc aaaattgctg ttaataggca ttataccctg 3543

caagttcact gcatgtctga tgcttggtaa aactagtctt ccctgtaaaa tgcagattac 3603

aggtattaaa gcaatctagt ggtatacccg ccccttgcct tagtaagagg agcagtgaaa 3663

tgtatatagt tgatgttcag tatttccaag taccattttt atatagtagc ttatttgacc 3723

ataagtcaca catcaaaaaa agattaccct tagtgtatgt gttttaatat tagaaaattg 3783

gcatatgtac tttatttttg aaaagggaag agatgggtgt ggggtggcaa tagcattgtg 3843

ccattttgtc atagaatgta aaaattgggtt aactttacaa atgtcagcta gttttgacta 3903

ctaattgggg gaaatttttag ataattttta aattcaaagt tatttataaa atgctagaat 3963

ttgttttaat tttttgtatt ttgagccact tcacatgaag actcagttgc atttttatcg 4023

aatacatttt tatcaacagt taaagactat ggtgggtttt tcagagtttg gctaagaatg 4083

ttgttaccat cttctttgtt tgtggtacaa tattttcagt gcaaaagaga tgtcattcag 4143

ttaaaaagac aaacctctag atgtgtaatt acatggaaaa tactagcaat gtgaatgctt 4203

ttgtagtaac catctttag tacctgtgaa atctataact cagaaatggt cagatgggtca 4263

ggagccagct atgcagcagt ataccatctg ttttaattatt ttgtaggtcc tgtgtgtgga 4323

accaactata aaccagttc taaagttgtg tatgatgggtg aacctttggg aatagttctt 4383

atcaacttaa ttggatactt ttagcaaata ggaacttaat tctcagcact gaacatgaat 4443

tacttccttg gagttttttt tcattcatat ttttgttgtt tccaggaatt tatttgatat 4503

taatgggcgt aaaacagcat cattgtactt aagctatgga tgtttttatt ttatatatttc 4563

tttatttata actgtgccaa gtattatttt gctacttacc gtgttattct gtggaaagaa 4623

aaacctgtaa agtgttttaat aaattagccc tccttacata aattaaatgt caaaattttg 4683

taaaatatta atcagaataa atactgactc tt 4715

<210> 67

<211> 498

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 67

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro His Ser Pro Gln Asn Leu

1 5 10 15

Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His Ala Val Val Leu Ser Trp

20 25 30

Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile Leu Tyr Tyr Ile Val Glu

35 40 45

Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val His Leu Ser Asn Val Gly

50 55 60

Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly Leu Thr Pro Ala Arg Thr

65 70 75 80

Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu Val Gly Arg Gly Gln Tyr

85 90 95

Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro Glu Glu Pro Pro Ser Ala

100 105 110

Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg Thr Asn Gln Ser Ile Met

115 120 125

Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu His Asn Gly Val Leu Arg

130

135

140

Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly Leu Pro Gly Glu Tyr Gln

145

150

155

160

Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn Tyr Cys Leu Val Thr Asp

165

170

175

Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln Val Ala Ala Tyr Asn Gly

180

185

190

Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val Thr Glu Tyr Thr Leu Gln

195

200

205

Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val Gln Thr Glu Ala Val Asn

210

215

220

Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro Pro Pro Gln Gln Phe Ile

225

230

235

240

Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu Ala Trp Pro Ala Asp Ala

245

250

255

Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala Pro Asp Phe His Gly Val

260

265

270

His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys Phe Thr Ala Tyr Phe Thr

275

280

285

Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp Gly Pro Pro Ser Thr Pro

290

295

300

Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro Gly Ala Val Gly His Leu

305

310

315

320

Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu Lys Val Ser Trp Gln Glu

325

330

335

Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly Tyr Gln Ile Ser Trp Glu

340

345

350

Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr His Thr Leu Asn Ser Thr

355

360

365

Met His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser Ser Leu Thr Thr Tyr Thr

370

375

380

Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly Thr Gly Leu Val Thr Ser

385

390

395

400

Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp Leu Pro Gly Ala Pro Ser

405

410

415

Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg Ser Ala Thr Leu Gln Phe

420

425

430

Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile Ser Arg Trp Ile Val Glu

435

440

445

Gly Gln Met Arg Pro Glu Gly Val Gly Leu Pro Ala Glu Val Thr Gln

450

455

460

Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala Asn Leu Gly Ser Leu Trp

465

470

475

480

Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser Gln Lys Leu Trp Glu Phe

485

490

495

Ser Cys

<210> 68

<211> 1902

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (22)..(1515)

<400> 68

gaaggaggga atgactccag g atg gcc cgg ctg gaa gtg att gaa ctg cct 51

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro

1

5

10

cat tca cct cag aac ctc ctg gtc agc cct aat tct tcc cac agc cac 99
His Ser Pro Gln Asn Leu Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His

15

20

25

gcc gtg gtg ctc tct tgg gtc cgg ccc ttt gat gga aac agt cct att 147
Ala Val Val Leu Ser Trp Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile

30

35

40

ctt tat tac atc gtg gag ctg tct gaa aac aac tct cca tgg aag gtg 195
Leu Tyr Tyr Ile Val Glu Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val

45

50

55

cat ctg tca aac gtt ggc cct gag atg aca ggc gtc acc gtg agt ggc 243
His Leu Ser Asn Val Gly Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly

60

65

70

ctg act ccg gct cgt acc tat caa ttc cgg gtg tgc gcg gtg aat gaa 291
Leu Thr Pro Ala Arg Thr Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu

75

80

85

90

gtg ggc agg ggc cag tac agt gcc gag aca agc agg ttg atg cta cct 339
Val Gly Arg Gly Gln Tyr Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro

95

100

105

gaa gaa cca ccc agt gct ccc ccg aaa aat ata gtg gcc agt ggg cgg 387
Glu Glu Pro Pro Ser Ala Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg

110

115

120

act aat cag tcc att atg gtc cag tgg cag cca ccc cca gaa aca gag 435
 Thr Asn Gln Ser Ile Met Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu
 125 130 135

cac aac ggg gtg ttg cgt gga tac atc ctc agg tac cgc ctg gct ggc 483
 His Asn Gly Val Leu Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly
 140 145 150

ctt ccc gga gag tac cag cag cgg aac atc acc agc ccg gag gtg aac 531
 Leu Pro Gly Glu Tyr Gln Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn
 155 160 165 170

tac tgc ctg gtg aca gac ctg atc atc tgg aca cag tat gag ata cag 579
 Tyr Cys Leu Val Thr Asp Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln
 175 180 185

gtg gcg gcg tac aac ggg gcc ggt ctg ggc gtc ttc agc agg gca gtg 627
 Val Ala Ala Tyr Asn Gly Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val
 190 195 200

acc gag tac acc ttg cag gga gtg ccc acc gcg ccc ccg cag aac gtg 675
 Thr Glu Tyr Thr Leu Gln Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val
 205 210 215

cag acg gaa gcc gtg aac tcc acc acc att cag ttc ctg tgg aac cct 723
 Gln Thr Glu Ala Val Asn Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro
 220 225 230

ccg cct cag cag ttt atc aat ggc atc aac cag gga tac aag ctt ctg 771

Pro Pro Gln Gln Phe Ile Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu
 235 240 245 250

gca tgg ccg gca gat gcc ccc gag gct gtc act gtg gtc act att gcc 819
 Ala Trp Pro Ala Asp Ala Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala
 255 260 265

cca gat ttc cac gga gtc cac cat gga cac ata acg aac ctg aag aag 867
 Pro Asp Phe His Gly Val His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys
 270 275 280

ttt acc gcc tac ttc act tcc gtt ctg tgc ttc acc acc cct ggg gac 915
 Phe Thr Ala Tyr Phe Thr Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp
 285 290 295

ggg cct ccc agc aca cct cag ctg gtc tgg act cag gaa gac aaa cca 963
 Gly Pro Pro Ser Thr Pro Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro
 300 305 310

gga gct gtg gga cat ctg agt ttc aca gag atc ttg gac aca tct ctc 1011
 Gly Ala Val Gly His Leu Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu
 315 320 325 330

aag gtc agc tgg cag gag ccc ctg gag aaa aat ggc atc att act ggc 1059
 Lys Val Ser Trp Gln Glu Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly
 335 340 345

tat cag atc tct tgg gaa gtg tac ggc agg aac gac tct cgt ctc acg 1107
 Tyr Gln Ile Ser Trp Glu Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr

350	355	360	
cac acc ctg aac agc acg atg cac gag tac aag atc caa ggc ctc tca			1155
His Thr Leu Asn Ser Thr Met His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser			
365	370	375	
tct ctc acc acc tac acc atc gac gtg gcc gct gtg act gcc gtg ggc			1203
Ser Leu Thr Thr Tyr Thr Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly			
380	385	390	
act ggc ctg gtg act tca tcc acc att tct tct gga gtg ccc cca gac			1251
Thr Gly Leu Val Thr Ser Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp			
395	400	405	410
ctt cct ggt gcc cca tcc aac ctg gtc att tcc aac atc agc cct cgc			1299
Leu Pro Gly Ala Pro Ser Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg			
415	420	425	
tcc gcc acc ctt cag ttc cgg cca ggc tat gac ggg aaa acg tcc atc			1347
Ser Ala Thr Leu Gln Phe Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile			
430	435	440	
tcc agg tgg att gtt gag ggg cag atg aga cct gaa ggt gtt gga tta			1395
Ser Arg Trp Ile Val Glu Gly Gln Met Arg Pro Glu Gly Val Gly Leu			
445	450	455	
cct gcc gag gtc aca cag cca agc cat gaa gcc gga ttg gag cct gca			1443
Pro Ala Glu Val Thr Gln Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala			
460	465	470	

aac ctc gga agt ctg tgg ctg ctc agc ctg gtg tat tgg tgt tac agc 1491

Asn Leu Gly Ser Leu Trp Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser

475

480

485

490

cag aaa ctt tgg gaa ttc tct tgt tagttggta gttttactgt aattttctat 1545

Gln Lys Leu Trp Glu Phe Ser Cys

495

aaagaattca tatcatctgt taatggcgac agtttttggt tcttccttg aattttttat 1605

attctttctt tctctttttt gtttcttctt ctttgagtat tttgtaatct tactgggagg 1665

gctaaagcgt cttctatcat atcgaattgg gacaatgata gaagacaatc tttgttttgt 1725

cactctaaag aaattattgt aagattttat catcaggtat gacatttaca ccattgatgt 1785

aggcttttta aaaaatatat ccagcctgta ttgggttaag atgattcttt tctgatcctg 1845

atttcctagg agttgggttt ttttttttta aagcataaat aaatttaatt gcatcag 1902

<210> 69

<211> 498

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 69

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro His Ser Pro Gln Asn Leu

1	5	10	15
Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His Ala Val Val Leu Ser Trp			
20	25	30	
Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile Leu Tyr Tyr Ile Val Glu			
35	40	45	
Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val His Leu Ser Asn Val Gly			
50	55	60	
Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly Leu Thr Pro Ala Arg Thr			
65	70	75	80
Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu Val Gly Arg Gly Gln Tyr			
85	90	95	
Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro Glu Glu Pro Pro Ser Ala			
100	105	110	
Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg Thr Asn Gln Ser Ile Met			
115	120	125	
Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu His Asn Gly Val Leu Arg			
130	135	140	
Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly Leu Pro Gly Glu Tyr Gln			
145	150	155	160

Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn Tyr Cys Leu Val Thr Asp
165 170 175

Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln Val Ala Ala Tyr Asn Gly
180 185 190

Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val Thr Glu Tyr Thr Leu Gln
195 200 205

Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val Gln Thr Glu Ala Val Asn
210 215 220

Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro Pro Pro Gln Gln Phe Ile
225 230 235 240

Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu Ala Trp Pro Ala Asp Ala
245 250 255

Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala Pro Asp Phe His Gly Val
260 265 270

His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys Phe Thr Ala Tyr Phe Thr
275 280 285

Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp Gly Pro Pro Ser Thr Pro
290 295 300

Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro Gly Ala Val Gly His Leu
305 310 315 320

Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu Lys Val Ser Trp Gln Glu
325 330 335

Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly Tyr Gln Ile Ser Trp Glu
340 345 350

Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr His Thr Leu Asn Ser Thr
355 360 365

Thr His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser Ser Leu Thr Thr Tyr Thr
370 375 380

Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly Thr Gly Leu Val Thr Ser
385 390 395 400

Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp Leu Pro Gly Ala Pro Ser
405 410 415

Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg Ser Ala Thr Leu Gln Phe
420 425 430

Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile Ser Arg Trp Ile Val Glu
435 440 445

Gly Gln Met Arg His Gln Gly Val Gly Leu Pro Ala Glu Val Thr Gln
450 455 460

Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala Asn Leu Gly Ser Leu Trp

30

35

40

ctt tat tac atc gtg gag ctg tct gaa aac aac tct cca tgg aag gtg 195

Leu Tyr Tyr Ile Val Glu Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val

45

50

55

cat ctg tca aac gtt ggc cct gag atg aca ggc gtc acc gtg agt ggc 243

His Leu Ser Asn Val Gly Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly

60

65

70

ctg act ccg gct cgt acc tat caa ttc cgg gtg tgc gcg gtg aat gaa 291

Leu Thr Pro Ala Arg Thr Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu

75

80

85

90

gtg ggc agg ggc cag tac agt gcc gag aca agc agg ttg atg cta cct 339

Val Gly Arg Gly Gln Tyr Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro

95

100

105

gaa gaa cca ccc agt gct ccc ccg aaa aat ata gtg gcc agt ggg cgg 387

Glu Glu Pro Pro Ser Ala Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg

110

115

120

act aat cag tcc att atg gtc cag tgg cag cca ccc cca gaa aca gag 435

Thr Asn Gln Ser Ile Met Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu

125

130

135

cac aac ggg gtg ttg cgt gga tac atc ctc agg tac cgc ctg gct ggc 483

His Asn Gly Val Leu Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly

140

145

150

ctt ccc gga gag tac cag cag cgg aac atc acc agc ccg gag gtg aac 531

Leu Pro Gly Glu Tyr Gln Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn

155

160

165

170

tac tgc ctg gtg aca gac ctg atc atc tgg aca cag tat gag ata cag 579

Tyr Cys Leu Val Thr Asp Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln

175

180

185

gtg gcg gcg tac aac ggg gcc ggt ctg ggc gtc ttc agc agg gca gtg 627

Val Ala Ala Tyr Asn Gly Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val

190

195

200

acc gag tac acc ttg cag gga gtg ccc acc gcg ccc ccg cag aac gtg 675

Thr Glu Tyr Thr Leu Gln Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val

205

210

215

cag acg gaa gcc gtg aac tcc acc acc att cag ttc ctg tgg aac cct 723

Gln Thr Glu Ala Val Asn Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro

220

225

230

ccg cct cag cag ttt atc aat ggc atc aac cag gga tac aag ctt ctg 771

Pro Pro Gln Gln Phe Ile Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu

235

240

245

250

gca tgg ccg gca gat gcc ccc gag gct gtc act gtg gtc act att gcc 819

Ala Trp Pro Ala Asp Ala Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala

255

260

265

cca gat ttc cac gga gtc cac cat gga cac ata acg aac ctg aag aag 867

Pro Asp Phe His Gly Val His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys

270

275

280

ttt acc gcc tac ttc act tcc gtt ctg tgc ttc acc acc cct ggg gac 915

Phe Thr Ala Tyr Phe Thr Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp

285

290

295

ggg cct ccc agc aca cct cag ctg gtc tgg act cag gaa gac aaa cca 963

Gly Pro Pro Ser Thr Pro Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro

300

305

310

gga gct gtg gga cat ctg agt ttc aca gag atc ttg gac aca tct ctc 1011

Gly Ala Val Gly His Leu Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu

315

320

325

330

aag gtc agc tgg cag gag ccc ctg gag aaa aat ggc atc att act ggc 1059

Lys Val Ser Trp Gln Glu Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly

335

340

345

tat cag atc tct tgg gaa gtg tac ggc agg aac gac tct cgt ctc acg 1107

Tyr Gln Ile Ser Trp Glu Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr

350

355

360

cac acc ctg aac agc acg acg cac gag tac aag atc caa ggc ctc tca 1155

His Thr Leu Asn Ser Thr Thr His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser

365

370

375

tct ctc acc acc tac acc atc gac gtg gcc gct gtg act gcc gtg ggc 1203

Ser Leu Thr Thr Tyr Thr Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly

380

385

390

act ggc ctg gtg act tca tcc acc att tct tct gga gtg ccc cca gac 1251

Thr Gly Leu Val Thr Ser Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp

395

400

405

410

ctt cct ggt gcc cca tcc aac ctg gtc att tcc aac atc agc cct cgc 1299

Leu Pro Gly Ala Pro Ser Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg

415

420

425

tcc gcc acc ctt cag ttc cgg cca ggc tat gac ggg aaa acg tcc atc 1347

Ser Ala Thr Leu Gln Phe Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile

430

435

440

tcc agg tgg att gtt gag ggg cag atg aga cat caa ggt gtt gga tta 1395

Ser Arg Trp Ile Val Glu Gly Gln Met Arg His Gln Gly Val Gly Leu

445

450

455

cct gcc gag gtc aca cag cca agc cat gaa gcc gga ttg gag cct gca 1443

Pro Ala Glu Val Thr Gln Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala

460

465

470

aac ctc gga agt ctg tgg ctg ctc agc ctg gtg tat tgg tgt tac agc 1491

Asn Leu Gly Ser Leu Trp Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser

475

480

485

490

cag aaa ctt tgg gaa ttc tct tgt tagttggtta gttttactgt aattttctat 1545

Gln Lys Leu Trp Glu Phe Ser Cys

495

aaagaattca tatcatctgt taatggcgac agtttttgtt tcttcctttg aattttttat 1605

attctttctt tctctttttt gtttcttctt ctttgagtat tttgtaatct tactgggagg 1665

gctaaagcgt cttctatcat atcgaattgg gacaatgata gaagacaatc tttgttttgt 1725

cactctaaag aaattattgt aagattttat catcaggtat gacatttaca ccattgatgt 1785

aggcttttta aaaaatatat ccagcctgta ttgggttaag atgattcttt tctgacctg 1845

atttcctagg agttggtttt ttttttttta aagcataaat aaatttaatt gcatcag 1902

<210> 71

<211> 245

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 71

Met Pro Val Gln Leu Ser Glu His Pro Glu Trp Asn Glu Ser Met His

1

5

10

15

Ser Leu Arg Ile Ser Val Gly Gly Leu Pro Val Leu Ala Ser Met Thr

20

25

30

Lys Ala Ala Asp Pro Arg Phe Arg Pro Arg Trp Lys Val Ile Leu Thr

35

40

45

Phe Phe Val Gly Ala Ala Ile Leu Trp Leu Leu Cys Ser His Arg Pro

50

55

60

Ala Pro Gly Arg Pro Pro Thr His Asn Ala His Asn Trp Arg Leu Gly

65

70

75

80

Gln Ala Pro Ala Asn Trp Tyr Asn Asp Thr Tyr Pro Leu Ser Pro Pro

85

90

95

Gln Arg Thr Pro Ala Gly Ile Arg Tyr Arg Ile Ala Val Ile Ala Asp

100

105

110

Leu Asp Thr Glu Ser Arg Ala Gln Glu Glu Asn Thr Trp Phe Ser Tyr

115

120

125

Leu Lys Lys Gly Tyr Leu Thr Leu Ser Asp Ser Gly Asp Lys Val Ala

130

135

140

Val Glu Trp Asp Lys Asp His Gly Val Leu Glu Ser His Leu Ala Glu

145

150

155

160

Lys Gly Arg Gly Met Glu Leu Ser Asp Leu Ile Val Phe Asn Gly Lys

165

170

175

Leu Tyr Ser Val Asp Asp Arg Thr Gly Val Val Tyr Gln Ile Glu Gly

180

185

190

Ser Lys Ala Val Pro Trp Val Ile Leu Ser Asp Gly Asp Gly Thr Val

195

200

205

Glu Lys Gly Phe Lys Ala Glu Trp Leu Ala Val Arg Glu Ile Val Arg

210

215

220

Lys Arg Trp Arg Leu Val Lys Gln Val Ser His Val Gly Val Leu Gly

225

230

235

240

Gln Trp Ile Gln Arg

245

<210> 72

<211> 1551

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (127)..(861)

<400> 72

ggaagtcggc caccttctc cgtcccgcc gttagcccag ccaagcccag ccaagcccag 60

ccaagccccg ccgctgcgg gcaccggagc cagccccgca gcgggtcccg cctgtctgtc 120

acgctg atg ccc gtg cag ctg tct gag cac ccg gaa tgg aat gag tct 168

Met Pro Val Gln Leu Ser Glu His Pro Glu Trp Asn Glu Ser

1

5

10

atg cac tcc ctc cgg atc agt gtg ggg ggc ctt cct gtg ctg gcg tcc 216

Met His Ser Leu Arg Ile Ser Val Gly Gly Leu Pro Val Leu Ala Ser

15

20

25

30

atg acc aag gcc gcg gac ccc cgc ttc cgc ccc cgc tgg aag gtg atc 264

Met Thr Lys Ala Ala Asp Pro Arg Phe Arg Pro Arg Trp Lys Val Ile

35

40

45

ctg acg ttc ttt gtg ggt gct gcc atc ctc tgg ctg ctc tgc tcc cac 312

Leu Thr Phe Phe Val Gly Ala Ala Ile Leu Trp Leu Leu Cys Ser His

50

55

60

cgc ccg gcc ccc ggc agg ccc ccc acc cac aat gca cac aac tgg agg 360

Arg Pro Ala Pro Gly Arg Pro Pro Thr His Asn Ala His Asn Trp Arg

65

70

75

ctc ggc cag gcg ccc gcc aac tgg tac aat gac acc tac ccc ctg tct 408

Leu Gly Gln Ala Pro Ala Asn Trp Tyr Asn Asp Thr Tyr Pro Leu Ser

80

85

90

ccc cca caa agg aca ccg gct ggg att cgg tat cga atc gca gtt atc 456

Pro Pro Gln Arg Thr Pro Ala Gly Ile Arg Tyr Arg Ile Ala Val Ile

95

100

105

110

gca gac ctg gac aca gag tca agg gcc caa gag gaa aac acc tgg ttc 504

Ala Asp Leu Asp Thr Glu Ser Arg Ala Gln Glu Glu Asn Thr Trp Phe

115

120

125

agt tac ctg aaa aag ggc tac ctg acc ctg tca gac agt ggg gac aag 552

Ser Tyr Leu Lys Lys Gly Tyr Leu Thr Leu Ser Asp Ser Gly Asp Lys

130

135

140

gtg gcc gtg gaa tgg gac aaa gac cat ggg gtc ctg gag tcc cac ctg 600

Val Ala Val Glu Trp Asp Lys Asp His Gly Val Leu Glu Ser His Leu

145

150

155

gcg gag aag ggg aga ggc atg gag cta tcc gac ctg att gtt ttc aat 648

Ala Glu Lys Gly Arg Gly Met Glu Leu Ser Asp Leu Ile Val Phe Asn

160

165

170

ggg aaa ctc tac tcc gtg gat gac cgg acg ggg gtc gtc tac cag atc 696

Gly Lys Leu Tyr Ser Val Asp Asp Arg Thr Gly Val Val Tyr Gln Ile

175

180

185

190

gaa ggc agc aaa gcc gtg ccc tgg gtg att ctg tcc gac ggc gac ggc 744

Glu Gly Ser Lys Ala Val Pro Trp Val Ile Leu Ser Asp Gly Asp Gly

195

200

205

acc gtg gag aaa ggc ttc aag gcc gaa tgg ctg gca gtg cgg gag att 792

Thr Val Glu Lys Gly Phe Lys Ala Glu Trp Leu Ala Val Arg Glu Ile

210

215

220

gta agg aag cgg tgg cgg ctg gtg aag caa gtc tca cat gtc ggc gtt 840

Val Arg Lys Arg Trp Arg Leu Val Lys Gln Val Ser His Val Gly Val

225

230

235

ctt ggc caa tgg ata caa aga taaagaaaat gttgcctttt tctaggaact 891

Leu Gly Gln Trp Ile Gln Arg

240

245

gtcagaaatc ctcatgcctt tcaagacttc tgtgaatgac ttgaattttt tattccctgc 951

ctagggtctg tgaacgaggc ctgtctcttc cctggggttt ctttccatgg cttttatttc 1011

tcctcttcca gtgggagttt tgcaggctct tctctgtgga aacttcacga gcgttggctg 1071

ggcctcggct tcgctggagt gtactccagg gtgaaggcag agtgggattt gagaccagg 1131

tagtggagga agcgaaggaa gtgaacgctg aatgtgacgc atttctgaag agctcagctg 1191

tcaccgggca tagcctggaa gcccgaagtc tgttctgact ttgcctggct gtctccttga 1251

cccgcctcct agatcattgt ccttgatgtc caggctgggt catttaaaat agagatgcaa 1311

tcaggaaggt tgggggactt gggactgtgg ctgaattgag accttgctga tgtattcatg 1371

tcagcacctg agtcacagcc cagggtgccg gaagcagcct cttcgcatag gcagtgattt 1431

gcgattactt taaagctcac ctttttctt cccctctctg ttcgtgctg tcagcataat 1491

gatttgtttc ctccctatg ggatccatct gttttgtaaa caataaagcg tctgaggag 1551

<210> 73

<211> 352

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 73

Met Glu Ser Gly Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly

1

5

10

15

Thr Thr Ser Val Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys

20

25

30

Ala Arg Val Ser Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly

35

40

45

Glu Asp Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro

50

55

60

Tyr Ala Val Ile Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn

65

70

75

80

Ser Gln Phe Val Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu

85

90

95

Gln Glu His Lys Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp

100

105

110

Cys Ser Lys Ile Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu

115

120

125

Val Pro His Glu Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro

130

135

140

Leu Asp Ser Val Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His
 145 150 155 160

Pro Ser Ile Gln Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly
 165 170 175

Glu Arg Pro Lys Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly
 180 185 190

Ala Thr Leu Thr Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val
 195 200 205

Arg Leu Gln Pro Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln
 210 215 220

Asp Phe Asp Ser Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp
 225 230 235 240

Lys Val Leu Ala Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe
 245 250 255

Phe Ile Leu Arg Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu
 260 265 270

Lys Gln Met Gln Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser
 275 280 285

Arg Ala Lys Pro Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val

290

295

300

Cys Leu Ser Ser Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val

305

310

315

320

Cys Ser Cys Thr Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys

325

330

335

Pro Ile Cys Arg Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Pro Tyr Asn Ser

340

345

350

<210> 74

<211> 2401

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (103)..(1158)

<400> 74

ttaggccggg ggggtgcggt cctggtcgga aggaggtgga gagtcggggg tcaccaggcc 60

tatccttggc gccacagtcg gccaccgggg ctgcccgcgc tc atg gag agc gga 114

Met Glu Ser Gly

1

ggg cgg ccc tcg ctg tgc cag ttc atc ctc ctg ggc acc acc tct gtg 162

Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly Thr Thr Ser Val
 5 10 15 20

gtc acc gcc gcc ctg tac tcc gtg tac cgg cag aag gcc cgg gtc tcc 210
 Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys Ala Arg Val Ser
 25 30 35

caa gag ctc aag gga gct aaa aaa gtt cat ttg ggt gaa gat tta aag 258
 Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly Glu Asp Leu Lys
 40 45 50

agt att ctt tca gaa gct cca gga aaa tgc gtg cct tat gct gtt ata 306
 Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro Tyr Ala Val Ile
 55 60 65

gaa gga gct gtg cgg tct gtt aaa gaa acg ctt aac agc cag ttt gtg 354
 Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn Ser Gln Phe Val
 70 75 80

gaa aac tgc aag ggg gta att cag cgg ctg aca ctt cag gag cac aag 402
 Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu Gln Glu His Lys
 85 90 95 100

atg gtg tgg aat cga acc acc cac ctt tgg aat gat tgc tca aag atc 450
 Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp Cys Ser Lys Ile
 105 110 115

att cat cag agg acc aac aca gtg ccc ttt gac ctg gtg ccc cac gag 498
 Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu Val Pro His Glu

120

125

130

gat ggc gtg gat gtg gct gtg cga gtg ctg aag ccc ctg gac tca gtg 546

Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro Leu Asp Ser Val

135

140

145

gat ctg ggt cta gag act gtg tat gag aag ttc cac ccc tcg att cag 594

Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His Pro Ser Ile Gln

150

155

160

tcc ttc acc gat gtc atc ggc cac tac atc agc ggt gag cgg ccc aaa 642

Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly Glu Arg Pro Lys

165

170

175

180

ggc atc caa gag acc gag gag atg ctg aag gtg ggg gcc acc ctc aca 690

Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly Ala Thr Leu Thr

185

190

195

ggg gtt ggc gaa ctg gtc ctg gac aac aac tct gtc cgc ctg cag ccg 738

Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val Arg Leu Gln Pro

200

205

210

ccc aaa caa ggc atg cag tac tat cta agc agc cag gac ttc gac agc 786

Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln Asp Phe Asp Ser

215

220

225

ctg ctg cag agg cag gag tcg agc gtc agg ctc tgg aag gtg ctg gcg 834

Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp Lys Val Leu Ala

230

235

240

ctg gtt ttt ggc ttt gcc aca tgt gcc acc ctc ttc ttc att ctc cgg 882

Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe Phe Ile Leu Arg

245 250 255 260

aag cag tat ctg cag cgg cag gag cgc ctg cgc ctc aag cag atg cag 930

Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu Lys Gln Met Gln

265 270 275

gag gag ttc cag gag cat gag gcc cag ctg ctg agc cga gcc aag cct 978

Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser Arg Ala Lys Pro

280 285 290

gag gac agg gag agt ctg aag agc gcc tgt gta gtg tgt ctg agc agc 1026

Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val Cys Leu Ser Ser

295 300 305

ttc aag tcc tgc gtc ttt ctg gag tgt ggg cac gtt tgt tcc tgc acc 1074

Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val Cys Ser Cys Thr

310 315 320

gag tgc tac cgc gcc ttg cca gag ccc aag aag tgc cct atc tgc aga 1122

Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys Pro Ile Cys Arg

325 330 335 340

cag gcg atc acc cgg gtg ata ccc ccg tac aac agc taatagtttg 1168

Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Pro Tyr Asn Ser

345 350

gaagccgcac agcttgacct ggaagcacc cgtccccctt ttcaggatt tttatctga 1228

ggcctttgga ggagcagtgg tgggggtagc tgtcacctcc aggtatgatt gagggaggaa 1288

tgggtagaa actctccaga cccatgcctc caatggcagg atgctgcctt tcccacctga 1348

gaggggacc tgtccatgtg cagcctcatc agagcctcac cctgggagga tgccgtggcg 1408

tctcctccca ggagccagat cagtgcgagt gtgactgaaa atgcctcatc acttaagcac 1468

caaagccagt gatcagcagc tcttctgttc ctgtgtcttc tgttttttc tggatgaatcg 1528

ttgcttgctg tggacttggt ggaggactca gaggggagga aaggctgggc cccgagtaca 1588

acggatgcct tgggtgctgc ctccgaagag actctgccgc agcttttctt ctttttctc 1648

atgccccggg aaacagtctt tcttcagaat tgtcaggctg ggcaggtaa cttgtgttcc 1708

tttccctca cctgcttgcc tccttaacgc ctgcacgtgt gtgtagagga caaaagaaag 1768

tgaagtcagc acatccgctt ctgccagat ggtcggggcc ccgggcaaca gattgaagag 1828

agatcatgtg aagggcagtt ggtcaggcag gcctcctggt ttcgccactg gccctgattt 1888

gaactcctgc cacttgggag agctcggggt ggtccctggt tttccctcct ggagaatgag 1948

gcgcagaggc ctgcctcct gaaggacgca gtgtggatgc cactggccta gtgtcctggc 2008

ctcacagctt ccttgcaagg ctgtcacaag gaaaagcagc cggctggcac cctgagcata 2068

tgccctcttg gggctccctc atccagcccg tcgcagcttt gacatcttgg tgtactcatg 2128

tcgcttctcc ttgtgttacc cctccccagt attaccattt gccctcacc tgcccttggt 2188

gagcctttta gtgcaagaca gatggggctg tttccccca cctctgagta gttggaggtc 2248

acatacacag ctcttttttt attgcccttt tctgcctctg aatgttcac tctcgtcctc 2308

ctttgtgcag gcgaggaagg ggtgccctca ggggccgaca ctagtgtgat gcagtgtcca 2368

gtgtgaacag cagaaattaa acatgttgca acc 2401

<210> 75

<211> 352

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 75

Met Glu Ser Gly Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly

1

5

10

15

Thr Thr Ser Val Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys

20

25

30

Ala Arg Val Ser Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly

35

40

45

Glu Asp Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro
50 55 60

Tyr Ala Val Ile Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn
65 70 75 80

Ser Gln Phe Val Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu
85 90 95

Gln Glu His Lys Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp
100 105 110

Cys Ser Lys Ile Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu
115 120 125

Val Pro His Glu Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro
130 135 140

Leu Asp Ser Val Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His
145 150 155 160

Pro Ser Ile Gln Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly
165 170 175

Glu Arg Pro Lys Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly
180 185 190

Ala Thr Leu Thr Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val
195 200 205

Arg Leu Gln Pro Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln
210 215 220

Asp Phe Asp Ser Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp
225 230 235 240

Lys Val Leu Ala Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe
245 250 255

Phe Ile Leu Arg Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu
260 265 270

Lys Gln Met Gln Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser
275 280 285

Arg Ala Lys Pro Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val
290 295 300

Cys Leu Ser Ser Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val
305 310 315 320

Cys Ser Cys Thr Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys
325 330 335

Pro Ile Cys Arg Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Leu Tyr Asn Ser
340 345 350

<210> 76

<211> 2401

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (103)..(1158)

<400> 76

ttaggccggg ggggtgcggt cctggtcgga aggaggtgga gagtcggggg tcaccaggcc 60

tataccttggc gccacagtcg gccaccgggg ctgccgcgcg tc atg gag agc gga 114

Met Glu Ser Gly

1

ggg cgg ccc tcg ctg tgc cag ttc atc ctc ctg ggc acc acc tct gtg 162

Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly Thr Thr Ser Val

5

10

15

20

gtc acc gcc gcc ctg tac tcc gtg tac cgg cag aag gcc cgg gtc tcc 210

Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys Ala Arg Val Ser

25

30

35

caa gag ctc aag gga gct aaa aaa gtt cat ttg ggt gaa gat tta aag 258

Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly Glu Asp Leu Lys

40

45

50

agt att ctt tca gaa gct cca gga aaa tgc gtg cct tat gct gtt ata 306

Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro Tyr Ala Val Ile

55

60

65

gaa gga gct gtg cgg tct gtt aaa gaa acg ctt aac agc cag ttt gtg 354

Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn Ser Gln Phe Val

70

75

80

gaa aac tgc aag ggg gta att cag cgg ctg aca ctt cag gag cac aag 402

Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu Gln Glu His Lys

85

90

95

100

atg gtg tgg aat cga acc acc cac ctt tgg aat gat tgc tca aag atc 450

Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp Cys Ser Lys Ile

105

110

115

att cat cag agg acc aac aca gtg ccc ttt gac ctg gtg ccc cac gag 498

Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu Val Pro His Glu

120

125

130

gat ggc gtg gat gtg gct gtg cga gtg ctg aag ccc ctg gac tca gtg 546

Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro Leu Asp Ser Val

135

140

145

gat ctg ggt cta gag act gtg tat gag aag ttc cac ccc tcg att cag 594

Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His Pro Ser Ile Gln

150

155

160

tcc ttc acc gat gtc atc ggc cac tac atc agc ggt gag cgg ccc aaa 642

Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly Glu Arg Pro Lys

165 170 175 180

ggc atc caa gag acc gag gag atg ctg aag gtg ggg gcc acc ctc aca 690

Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly Ala Thr Leu Thr

185 190 195

ggg gtt ggc gaa ctg gtc ctg gac aac aac tct gtc cgc ctg cag ccg 738

Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val Arg Leu Gln Pro

200 205 210

ccc aaa caa ggc atg cag tac tat cta agc agc cag gac ttc gac agc 786

Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln Asp Phe Asp Ser

215 220 225

ctg ctg cag agg cag gag tcg agc gtc agg ctc tgg aag gtg ctg gcg 834

Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp Lys Val Leu Ala

230 235 240

ctg gtt ttt ggc ttt gcc aca tgt gcc acc ctc ttc ttc att ctc cgg 882

Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe Phe Ile Leu Arg

245 250 255 260

aag cag tat ctg cag cgg cag gag cgc ctg cgc ctc aag cag atg cag 930

Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu Lys Gln Met Gln

265 270 275

gag gag ttc cag gag cat gag gcc cag ctg ctg agc cga gcc aag cct 978

Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser Arg Ala Lys Pro

280 285 290

gag gac agg gag agt ctg aag agc gcc tgt gta gtg tgt ctg agc agc 1026
 Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val Cys Leu Ser Ser
 295 300 305

ttc aag tcc tgc gtc ttt ctg gag tgt ggg cac gtt tgt tcc tgc acc 1074
 Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val Cys Ser Cys Thr
 310 315 320

gag tgc tac cgc gcc ttg cca gag ccc aag aag tgc cct atc tgc aga 1122
 Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys Pro Ile Cys Arg
 325 330 335 340

cag gcg atc acc cgg gtg ata ccc ctg tac aac agc taatagtttg 1168
 Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Leu Tyr Asn Ser
 345 350

gaagccgcac agcttgacct ggaagcacc ctgccccctt ttcagggatt tttatctcga 1228

ggcctttgga ggagcagtgg tgggggtagc tgtcacctcc aggtatgatt gagggaggaa 1288

tcgggtagaa actctccaga cccatgcctc caatggcagg atgctgcctt tcccacctga 1348

gaggggaccc tgtccatgtg cagcctcatc agagcctcac cctgggagga tgccgtggcg 1408

tctctccca ggagccagat cagtgcgagt gtgactgaaa atgcctcatc acttaagcac 1468

caaagccagt gatcagcagc tcttctgttc ctgtgtcttc tggttttttc tggtgaatcg 1528

ttgcttgctg tggacttggg ggaggactca gaggggagga aaggctgggc cccgagtaca 1588

acggatgcct tgggtgctgc ctccgaagag actctgccgc agcttttctt ctttttcttc 1648

atgccccggg aaacagtctt tcttcagaat tgtcaggctg ggcaggtcaa cttgtgttcc 1708

tttccctca cctgcttgcc tccttaacgc ctgcacgtgt gtgtagagga caaaagaaag 1768

tgaagtcagc acatccgctt ctgccagat ggtcggggcc ccgggcaaca gattgaagag 1828

agatcatgtg aagggcagtt ggtcaggcag gcctcctggt ttcgccactg gccctgattt 1888

gaactcctgc cacttgggag agctcggggt ggtccctggt tttccctcct ggagaatgag 1948

gcgcagaggc ctgcctcct gaaggacgca gtgtggatgc cactggccta gtgtcctggc 2008

ctcacagctt ccttgcaagg ctgtcacaag gaaaagcagc cggctggcac cctgagcata 2068

tgccctcttg gggtccctc atccagcccg tcgcagcttt gacatcttgg tgtactcatg 2128

tcgcttctcc ttgtgttacc cctcccagt attaccattt gccctcacc tgcccttggg 2188

gagcctttta gtgcaagaca gatggggctg ttttcccca cctctgagta gttggaggtc 2248

acatacacag ctcttttttt attgcccttt tctgcctctg aatgttcac tctcgtcctc 2308

ctttgtgcag gcgaggaagg ggtgccctca ggggccgaca ctagtgtgat gcagtgtcca 2368

gtgtgaacag cagaaattaa acatgttgca acc 2401

<210> 77

<211> 697

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 77

Met Cys Lys Ser Leu Arg Tyr Cys Phe Ser His Cys Leu Tyr Leu Ala

1 5 10 15

Met Thr Arg Leu Glu Glu Val Asn Arg Glu Val Asn Met His Ser Ser

20 25 30

Val Arg Tyr Leu Gly Tyr Leu Ala Arg Ile Asn Leu Leu Val Ala Ile

35 40 45

Cys Leu Gly Leu Tyr Val Arg Trp Glu Lys Thr Ala Asn Ser Leu Ile

50 55 60

Leu Val Ile Phe Ile Leu Gly Leu Phe Val Leu Gly Ile Ala Ser Ile

65 70 75 80

Leu Tyr Tyr Tyr Phe Ser Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser Leu Ser Asn

85 90 95

Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp Asn Ser

100 105 110

Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu Leu Leu
115 120 125

Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg Ile Ser
130 135 140

Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu Phe Leu
145 150 155 160

Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val Glu Lys
165 170 175

Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu Ile Ile
180 185 190

Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val Ile Phe
195 200 205

Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn Pro Ile
210 215 220

Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe Leu Asp
225 230 235 240

Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro Phe Leu
245 250 255

Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala Gly Met
260 265 270

Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg Asp Thr
275 280 285

His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly Ile Phe
290 295 300

Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly Phe His
305 310 315 320

Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg Thr Asp
325 330 335

Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg His Phe
340 345 350

Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala Thr Ala
355 360 365

Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe Leu Ser
370 375 380

Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly Leu Phe
385 390 395 400

His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr Ala Ile
405 410 415

Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr Leu Leu

420

425

430

Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly Met Leu

435

440

445

Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr Tyr Gly

450

455

460

Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His Ser Lys

465

470

475

480

Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg His Asp

485

490

495

Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly Glu Trp

500

505

510

Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile Glu Trp

515

520

525

Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile Val Leu

530

535

540

Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys Ile Asn

545

550

555

560

Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr Val Asp

565

570

575

Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys Asp Trp
580 585 590

Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr Glu Lys
595 600 605

Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp Ser Asp
610 615 620

Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His Trp Met
625 630 635 640

Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala Asn Trp
645 650 655

Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe Arg Cys
660 665 670

Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu Asp Thr
675 680 685

Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser
690 695

<210> 78

<211> 3008

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (372)..(2462)

<400> 78

cgtaccgtcg cggatttcgg cggcggaaac atggcggtcg cggccgggcc ggtaacggag 60

aaagtttacg ccgacactgg cctgtattag cgcgtatggc ctcgggccct cgttccccaa 120

ggcgtgccgc ctccctgttc tcagtcgcag gctgaagcct tgtctgctct cctccttttt 180

ggtttggttt tggaactgac tccgagggtt gggagagcgc gttggtggcg acggccgagt 240

cagatcacta taaacaaaat ttccacaaga gaaaatgttg aaataggagt tgcggataca 300

ttggatatac tggatgaaat acaagcggtt aatttttgta acgtgaggga aaagcccaca 360

ttgctggtta c atg tgt aaa tca ctg cgt tat tgc ttt agt cat tgt ctc 410

Met Cys Lys Ser Leu Arg Tyr Cys Phe Ser His Cys Leu

1

5

10

tat tta gca atg aca aga ctg gaa gaa gta aat aga gaa gtg aac atg 458

Tyr Leu Ala Met Thr Arg Leu Glu Glu Val Asn Arg Glu Val Asn Met

15

20

25

cat tct tca gtg cgg tat ctt ggc tat tta gcc aga atc aat tta ttg 506

His Ser Ser Val Arg Tyr Leu Gly Tyr Leu Ala Arg Ile Asn Leu Leu

30

35

40

45

gtt gct ata tgc tta ggt cta tac gta aga tgg gaa aaa aca gca aat 554

Val Ala Ile Cys Leu Gly Leu Tyr Val Arg Trp Glu Lys Thr Ala Asn

50

55

60

tcc tta att ttg gta att ttt att ctt ggt ctt ttt gtt ctt gga atc 602

Ser Leu Ile Leu Val Ile Phe Ile Leu Gly Leu Phe Val Leu Gly Ile

65

70

75

gcc agc ata ctc tat tac tat ttt tca atg gaa gca gca agt tta agt 650

Ala Ser Ile Leu Tyr Tyr Tyr Phe Ser Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser

80

85

90

ctc tcc aat ctt tgg ttt gga ttc ttg ctt ggc ctc cta tgt ttt ctt 698

Leu Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu

95

100

105

gat aat tca tcc ttt aaa aat gat gta aaa gaa gaa tca acc aaa tat 746

Asp Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr

110

115

120

125

ttg ctt cta aca tcc ata gtg tta agg ata ttg tgc tct ctg gtg gag 794

Leu Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu

130

135

140

aga att tct ggt tat gtc cgt cat cgg ccc act tta cta acc aca gtt 842

Arg Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val

145

150

155

gaa ttt ctg gag ctt gtt gga ttt gcc att gcc agc aca act atg ttg 890

Glu Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu

160

165

170

gtg gag aag tct ctg agt gtc att ttg ctt gtt gta gct ctg gct atg 938

Val Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met

175

180

185

ctg att att gat ctg aga atg aaa tct ttc tta gct att cca aac tta 986

Leu Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu

190

195

200

205

gtt att ttt gca gtt ttg tta ttt ttt tcc tca ttg gaa act ccc aaa 1034

Val Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys

210

215

220

aat ccg att gct ttt gcg tgt ttt ttt att tgc ctg ata act gat cct 1082

Asn Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro

225

230

235

ttc ctt gac att tat ttt agt gga ctt tca gta act gaa aga tgg aaa 1130

Phe Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys

240

245

250

ccc ttt ttg tac cgt gga aga att tgc aga aga ctt tca gtc gtt ttt 1178

Pro Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe

255

260

265

gct gga atg att gag ctt aca ttt ttt att ctt tcc gca ttc aaa ctt 1226

Ala Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu
 270 275 280 285

aga gac act cac ctc tgg tat ttt gta ata cct ggc ttt tcc att ttt 1274
 Arg Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe
 290 295 300

gga att ttc tgg atg att tgt cat att att ttt ctt tta act ctt tgg 1322
 Gly Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp
 305 310 315

gga ttc cat acc aaa tta aat gac tgc cat aaa gta tat ttt act cac 1370
 Gly Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His
 320 325 330

agg aca gat tac aat agc ctt gat aga atc atg gca tcc aaa ggg atg 1418
 Arg Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met
 335 340 345

cgc cat ttt tgc ttg att tca gag cag ttg gtg ttc ttt agt ctt ctt 1466
 Arg His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu
 350 355 360 365

gca aca gcg att ttg gga gca gtt tcc tgg cag cca aca aat gga att 1514
 Ala Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile
 370 375 380

ttc ttg agc atg ttt cta atc gtt ttg cca ttg gaa tcc atg gct cat 1562
 Phe Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His

385

390

395

ggg ctc ttc cat gaa ttg ggt aac tgt tta gga gga aca tct gtt gga 1610

Gly Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly

400

405

410

tat gct att gtg att ccc acc aac ttc tgc agt cct gat ggt cag cca 1658

Tyr Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro

415

420

425

aca ctg ctt ccc cca gaa cat gta cag gag tta aat ttg agg tct act 1706

Thr Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr

430

435

440

445

ggc atg ctc aat gct atc caa aga ttt ttt gca tat cat atg att gag 1754

Gly Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu

450

455

460

acc tat gga tgt gac tat tcc aca agt gga ctg tca ttt gat act ctg 1802

Thr Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu

465

470

475

cat tcc aaa cta aaa gct ttc ctc gaa ctt cgg aca gtg gat gga ccc 1850

His Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro

480

485

490

aga cat gat acg tat att ttg tat tac agt ggg cac acc cat ggt aca 1898

Arg His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr

495

500

505

gga gag tgg gct cta gca ggt gga gat aca cta cgc ctt gac aca ctt 1946
 Gly Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu
 510 515 520 525

ata gaa tgg tgg aga gaa aag aat ggt tcc ttt tgt tcc cgg ctt att 1994
 Ile Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile
 530 535 540

atc gta tta gac agc gaa aat tca acc cct tgg gtg aaa gaa gtg agg 2042
 Ile Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg
 545 550 555

aaa att aat gac cag tat att gca gtg caa gga gca gag ttg ata aaa 2090
 Lys Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys
 560 565 570

aca gta gat att gaa gaa gct gac ccg cca cag cta ggt gac ttt aca 2138
 Thr Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr
 575 580 585

aaa gac tgg gta gaa tat aac tgc aac tcc agt aat aac atc tgc tgg 2186
 Lys Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp
 590 595 600 605

act gaa aag gga cgc aca gtg aaa gca gta tat ggt gtg tca aaa cgg 2234
 Thr Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg
 610 615 620

tgg agt gac tac act ctg cat ttg cca acg gga agc gat gtg gcc aag 2282

Trp Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys

625

630

635

cac tgg atg tta cac ttt cct cgt att aca tat ccc cta gtg cat ttg 2330

His Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu

640

645

650

gca aat tgg tta tgc ggt ctg aac ctt ttt tgg atc tgc aaa act tgt 2378

Ala Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys

655

660

665

ttt agg tgc ttg aaa aga tta aaa atg agt tgg ttt ctt cct act gtg 2426

Phe Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val

670

675

680

685

ctg gac aca gga caa ggc ttc aaa ctt gtc aaa tct taatttgac 2472

Leu Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser

690

695

cccaaagcgg gatattaata agcactcata ctaccaatta tcactaactt gccatttttt 2532

gtatgctgta tttttatttg tggaaaatac cttgctactt ctgtagctgc tctcactttg 2592

tcttttctta agtaattatg gtatatataa ggcgttggga aaaaacattt tataatgaaa 2652

gtatgtaggg agtcaaagtc ttactgtaaa tgcataagag acgttaaaaa taacactgca 2712

ctttcaggaa tgtttgctta tggctctgat tagaaagaaa cagttgtcta tgctctgcaa 2772

tggatcaatga tgaattacta atgccttatt ttctaggcat ataataatag tttagagaat 2832

gtagaccaga taaatttggt tactgtttta agaaaactac cagtttactt acagaagatt 2892

cttttttcca aacagtaggt ttcattccaag accatttgaa gaactgcaaa ctctttctct 2952

tagaaaagaa agagggcagc ctaaaataaa cgcaaaattt gcttatactc catcac 3008

<210> 79

<211> 611

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 79

Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser Leu Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu

1

5

10

15

Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val

20

25

30

Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg

35

40

45

Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg

50

55

60

Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala

65	70	75	80
Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu			
	85	90	95
Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser			
	100	105	110
Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe			
	115	120	125
Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe			
	130	135	140
Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu			
	145	150	155
			160
Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys			
	165	170	175
Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe			
	180	185	190
Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val			
	195	200	205
Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile			
	210	215	220

Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys
 225 230 235 240

His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg
 245 250 255

Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln
 260 265 270

Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser
 275 280 285

Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu
 290 295 300

Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys
 305 310 315 320

Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe
 325 330 335

Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln
 340 345 350

Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe
 355 360 365

Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser
 370 375 380

Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu
385 390 395 400

Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr
405 410 415

Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp
420 425 430

Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly
435 440 445

Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr
450 455 460

Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val
465 470 475 480

Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro
485 490 495

Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn
500 505 510

Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala
515 520 525

Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro

530

535

540

Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile

545

550

555

560

Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu

565

570

575

Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met

580

585

590

Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu

595

600

605

Val Lys Ser

610

<210> 80

<211> 3007

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (629)..(2461)

<400> 80

cgtaccgtcg cggatttcgg cggcggaaac atggcggtcg cggccgggcc ggtaacggag 60

aaagtttacg cgcacactgg cctgtattag cgcgtatggc ctcgggccct cgttccccaa 120

ggcgtgccgc ctccctgttc tcagtcgcag gctgaagcct tgtctgctct cctccttttt 180

ggtttggttt tggaactgac tccgagggtt gggagagcgc gttggtggcg acggccgagt 240

cagatcacta taaacaaaat ttccacaaga gaaaatgttg aaataggagt tgcggataca 300

ttggatatac tggatgaaat acaagcggtt aatttttgta acgtgaggga aaagcccaca 360

ttgctggtta catgtgtaaa tcactgcgtt attgcttttag tcattgtctc tatttagcaa 420

tgacaagact ggaagaagta aatagagaag tgaacatgca ttcttcagtg cggtatcttg 480

ctatttagcc agaatcaatt tattggttgc tataatgctta ggtctatacg taagatggga 540

aaaaacagca aattccttaa ttttggtaat ttttattctt ggtctttttg ttcttggaat 600

cgccagcata ctctattact atttttca atg gaa gca gca agt tta agt ctc 652

Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser Leu

1

5

tcc aat ctt tgg ttt gga ttc ttg ctt ggc ctc cta tgt ttt ctt gat 700

Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp

10

15

20

aat tca tcc ttt aaa aat gat gta aaa gaa gaa tca acc aaa tat ttg 748

Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu

25	30	35	40	
ctt cta aca tcc ata gtg tta agg ata ttg tgc tct ctg gtg gag aga				796
Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg				
	45	50	55	
att tct ggt tat gtc cgt cat cgg ccc act tta cta acc aca gtt gaa				844
Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu				
	60	65	70	
ttt ctg gag ctt gtt gga ttt gcc att gcc agc aca act atg ttg gtg				892
Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val				
	75	80	85	
gag aag tct ctg agt gtc att ttg ctt gtt gta gct ctg gct atg ctg				940
Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu				
	90	95	100	
att att gat ctg aga atg aaa tct ttc tta gct att cca aac tta gtt				988
Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val				
105	110	115	120	
att ttt gca gtt ttg tta ttt ttt tcc tca ttg gaa act ccc aaa aat				1036
Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn				
	125	130	135	
ccg att gct ttt gcg tgt ttt ttt att tgc ctg ata act gat cct ttc				1084
Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe				
	140	145	150	

ctt gac att tat ttt agt gga ctt tca gta act gaa aga tgg aaa ccc 1132

Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro

155

160

165

ttt ttg tac cgt gga aga att tgc aga aga ctt tca gtc gtt ttt gct 1180

Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala

170

175

180

gga atg att gag ctt aca ttt ttt att ctt tcc gca ttc aaa ctt aga 1228

Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg

185

190

195

200

gac act cac ctc tgg tat ttt gta ata cct ggc ttt tcc att ttt gga 1276

Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly

205

210

215

att ttc tgg atg att tgt cat att att ttt ctt tta act ctt tgg gga 1324

Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly

220

225

230

ttc cat acc aaa tta aat gac tgc cat aaa gta tat ttt act cac agg 1372

Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg

235

240

245

aca gat tac aat agc ctt gat aga atc atg gca tcc aaa ggg atg cgc 1420

Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg

250

255

260

cat ttt tgc ttg att tca gag cag ttg gtg ttc ttt agt ctt ctt gca 1468
 His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala
 265 270 275 280

aca gcg att ttg gga gca gtt tcc tgg cag cca aca aat gga att ttc 1516
 Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe
 285 290 295

ttg agc atg ttt cta atc gtt ttg cca ttg gaa tcc atg gct cat ggg 1564
 Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly
 300 305 310

ctc ttc cat gaa ttg ggt aac tgt tta gga gga aca tct gtt gga tat 1612
 Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr
 315 320 325

gct att gtg att ccc acc aac ttc tgc agt cct gat ggt cag cca aca 1660
 Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr
 330 335 340

ctg ctt ccc cca gaa cat gta cag gag tta aat ttg agg tct act ggc 1708
 Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly
 345 350 355 360

atg ctc aat gct atc caa aga ttt ttt gca tat cat atg att gag acc 1756
 Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr
 365 370 375

tat gga tgt gac tat tcc aca agt gga ctg tca ttt gat act ctg cat 1804

Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His
 380 385 390

tcc aaa cta aaa gct ttc ctc gaa ctt cgg aca gtg gat gga ccc aga 1852
 Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg
 395 400 405

cat gat acg tat att ttg tat tac agt ggg cac acc cat ggt aca gga 1900
 His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly
 410 415 420

gag tgg gct cta gca ggt gga gat aca cta cgc ctt gac aca ctt ata 1948
 Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile
 425 430 435 440

gaa tgg tgg aga gaa aag aat ggt tcc ttt tgt tcc cgg ctt att atc 1996
 Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile
 445 450 455

gta tta gac agc gaa aat tca acc cct tgg gtg aaa gaa gtg agg aaa 2044
 Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys
 460 465 470

att aat gac cag tat att gca gtg caa gga gca gag ttg ata aaa aca 2092
 Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr
 475 480 485

gta gat att gaa gaa gct gac ccg cca cag cta ggt gac ttt aca aaa 2140
 Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys

490	495	500	
gac tgg gta gaa tat aac tgc aac tcc agt aat aac atc tgc tgg act			2188
Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr			
505	510	515	520
gaa aag gga cgc aca gtg aaa gca gta tat ggt gtg tca aaa cgg tgg			2236
Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp			
	525	530	535
agt gac tac act ctg cat ttg cca acg gga agc gat gtg gcc aag cac			2284
Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His			
	540	545	550
tgg atg tta cac ttt cct cgt att aca tat ccc cta gtg cat ttg gca			2332
Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala			
	555	560	565
aat tgg tta tgc ggt ctg aac ctt ttt tgg atc tgc aaa act tgt ttt			2380
Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe			
	570	575	580
agg tgc ttg aaa aga tta aaa atg agt tgg ttt ctt cct act gtg ctg			2428
Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu			
	585	590	595
gac aca gga caa ggc ttc aaa ctt gtc aaa tct taatttggac cccaaagcgg			2481
Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser			
	605	610	

gatattaata agcactcata ctaccaatta tcactaactt gccatttttt gtatgctgta 2541

tttttatttg tggaaaatac cttgctactt ctgtagctgc tctcactttg tcttttctta 2601

agtaattatg gtatatataa ggcgttgga aaaaacattt tataatgaaa gtatgtaggg 2661

agtcaaagtc ttactgtaaa tgcataagag acgttaaaaa taacactgca ctttcaggaa 2721

tgtttgctta tggctctgat tagaaagaaa cagttgtcta tgctctgcaa tggatcaatga 2781

tgaattacta atgccttatt ttctaggcat ataataatag tttagagaat gtagaccaga 2841

taaatttggt tactgtttta agaaaactac cagtttactt acagaagatt cttttttcca 2901

aacagtaggt ttcatccaag accatttgaa gaactgcaaa ctctttctct tagaaaagaa 2961

agagggcagc ctaaaataaa cgcaaaattt gcttatactc catcac 3007

<210> 81

<211> 184

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 81

Met Thr Ser Phe Glu Asp Ala Asp Thr Glu Glu Thr Val Thr Cys Leu

1

5

10

15

Gln Met Thr Val Tyr His Pro Gly Gln Leu Gln Cys Gly Ile Phe Gln

20

25

30

Ser Ile Ser Phe Asn Arg Glu Lys Leu Pro Ser Ser Glu Val Val Lys

35

40

45

Phe Gly Arg Asn Ser Asn Ile Cys His Tyr Thr Phe Gln Asp Lys Gln

50

55

60

Val Ser Arg Val Gln Phe Ser Leu Gln Leu Phe Lys Lys Phe Asn Ser

65

70

75

80

Ser Val Leu Ser Phe Glu Ile Lys Asn Met Ser Lys Lys Thr Asn Leu

85

90

95

Ile Val Asp Ser Arg Glu Leu Gly Tyr Leu Asn Lys Met Asp Leu Pro

100

105

110

Tyr Arg Cys Met Val Arg Phe Gly Glu Tyr Gln Phe Leu Met Glu Lys

115

120

125

Glu Asp Gly Glu Ser Leu Glu Phe Phe Glu Thr Gln Phe Ile Leu Ser

130

135

140

Pro Arg Ser Leu Leu Gln Glu Asn Asn Trp Pro Pro His Arg Pro Ile

145

150

155

160

Pro Glu Tyr Gly Thr Tyr Ser Leu Cys Ser Ser Gln Ser Ser Ser Pro

165

170

175

Thr Glu Met Asp Glu Asn Glu Ser

180

<210> 82

<211> 1617

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (285)..(836)

<400> 82

tttttataaaa ggccccggggc gcgagaggac gtgctctgcc agccagtggg aaggcaggcc 60

gcgcgcgcgg gagcgcggga ggatcggcgg ctcgcggtca ctggtccctg gctcggttcc 120

ccgcaccccg gggctcacac ttaccgcgc ggaggagcag cggccgggtg tccaccccca 180

tcctgcgcc agtctcctcg attccccctg ctctgagccg ggagagccga acagctgaag 240

agagttcact gactccccag cccaggtgg gccttgtgca catc atg acc agt ttt 296

Met Thr Ser Phe

1

gaa gat gct gac aca gaa gag aca gta act tgt ctc cag atg acg gtt 344

Glu Asp Ala Asp Thr Glu Glu Thr Val Thr Cys Leu Gln Met Thr Val

5	10	15	20	
tac cat cct ggc cag ttg cag tgt gga ata ttt cag tca ata agt ttt				392
Tyr His Pro Gly Gln Leu Gln Cys Gly Ile Phe Gln Ser Ile Ser Phe				
	25	30	35	
aac aga gag aaa ctc cct tcc agc gaa gtg gtg aaa ttt ggc cga aat				440
Asn Arg Glu Lys Leu Pro Ser Ser Glu Val Val Lys Phe Gly Arg Asn				
	40	45	50	
tcc aac atc tgt cat tat act ttt cag gac aaa cag gtt tcc cga gtt				488
Ser Asn Ile Cys His Tyr Thr Phe Gln Asp Lys Gln Val Ser Arg Val				
	55	60	65	
cag ttt tct ctg cag ctg ttt aaa aaa ttc aac agc tca gtt ctc tcc				536
Gln Phe Ser Leu Gln Leu Phe Lys Lys Phe Asn Ser Ser Val Leu Ser				
	70	75	80	
ttt gaa ata aaa aat atg agt aaa aag acc aat ctg atc gtg gac agc				584
Phe Glu Ile Lys Asn Met Ser Lys Lys Thr Asn Leu Ile Val Asp Ser				
85	90	95	100	
aga gag ctg ggc tac cta aat aaa atg gac ctg cca tac agg tgc atg				632
Arg Glu Leu Gly Tyr Leu Asn Lys Met Asp Leu Pro Tyr Arg Cys Met				
	105	110	115	
gtc aga ttc gga gag tat cag ttt ctg atg gag aag gaa gat ggc gag				680
Val Arg Phe Gly Glu Tyr Gln Phe Leu Met Glu Lys Glu Asp Gly Glu				
	120	125	130	

tca ttg gaa ttt ttt gag act caa ttt att tta tct cca aga tca ctc 728

Ser Leu Glu Phe Phe Glu Thr Gln Phe Ile Leu Ser Pro Arg Ser Leu

135

140

145

ttg caa gaa aac aac tgg cca cca cac agg ccc ata ccg gag tat ggc 776

Leu Gln Glu Asn Asn Trp Pro Pro His Arg Pro Ile Pro Glu Tyr Gly

150

155

160

act tat tcg ctc tgc tcc tcc caa agc agt tct ccg aca gaa atg gat 824

Thr Tyr Ser Leu Cys Ser Ser Gln Ser Ser Ser Pro Thr Glu Met Asp

165

170

175

180

gaa aat gag tca tgaacacaga aagtctaaga ggagaaatat gatggatgaa 876

Glu Asn Glu Ser

gagctctgta gatgctgtat agacactaaa taagagttga ttaggtagt atattatagt 936

catctgttat gctgtgaaat ttggaattca gtattatcat tttgaagtct gtaaattgtg 996

ttagtcatta acttagtcac ctgttgatt ctggatctac acaaaattat tttaactgct 1056

cttattaatc tgtgaggatt aatatacaaa aagtatcctt tgagatgaag tcgtgttctc 1116

aaaataaggt tatattatct tcttttctg cttgattttc atcttggtt ttgctttgtt 1176

tttgaagga accatctctt ggtttggtca catcagttca caacagccat ttgttttcaa 1236

ggtcaaggct ccaggcaggt tgttactggt gtttcagcc tgtcagtact tgcagtactg 1296

gaataggttc taggctagtg tctgcgcgtc actgtggttt tagcatggga ggacttattt 1356

gagaaatact accctacttt tctatgattt ctttttacag agttatagtg tgtttactcc 1416

taagatgaca gttctctttg tctatattca gcatctaaga caaatattta aacattttta 1476

agaaccactg tgtaagttt aggattattt acttaccaaa ttagaagttt gacttttatg 1536

tggtatacac aatcttaaaa tttcacgaat tcaccttttt aatagtatcc atgtacataa 1596

taaaatcaaa gttaattag c 1617

<210> 83

<211> 392

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 83

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1

5

10

15

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20

25

30

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35

40

45

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn
50 55 60

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys
65 70 75 80

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro
85 90 95

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu
100 105 110

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val
115 120 125

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser
130 135 140

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg
145 150 155 160

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln
165 170 175

Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser
180 185 190

Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser
195 200 205

Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met
210 215 220

Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr
225 230 235 240

Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser
245 250 255

Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu
260 265 270

Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr
275 280 285

Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu
290 295 300

Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly
305 310 315 320

Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala
325 330 335

Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val
340 345 350

Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg

355

360

365

Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro

370

375

380

Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

385

390

<210> 84

<211> 1898

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(1294)

<400> 84

acttccgctg gccgctggct cgctggccgc tcctggaggc ggcggcggga gcgcaggggg 60

cgcgcgggccc ggggactcgc attccccggt tccccctcca ccccaacgcgg cctggacc 118

atg gac gcc aga tgg tgg gca gtg gtg gtg ctg gct gcg ttc ccc tcc 166

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1

5

10

15

cta ggg gca ggt ggg gag act ccc gaa gcc cct ccg gag tca tgg acc 214

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20

25

30

cag cta tgg ttc ttc cga ttt gtg gtg aat gct gct ggc tat gcc agc 262

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35

40

45

ttt atg gta cct ggc tac ctc ctg gtg cag tac ttc agg cgg aag aac 310

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50

55

60

tac ctg gag acc ggt agg ggc ctc tgc ttt ccc ctg gtg aaa gct tgt 358

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65

70

75

80

gtg ttt ggc aat gag ccc aag gcc tct gat gag gtt ccc ctg gcg ccc 406

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85

90

95

cga aca gag gcg gca gag acc acc ccg atg tgg cag gcc ctg aag ctg 454

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100

105

110

ctc ttc tgt gcc aca ggg ctc cag gtg tct tat ctg act tgg ggt gtg 502

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115

120

125

ctg cag gaa aga gtg atg acc cgc agc tat ggg gcc aca gcc aca tca 550

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser

130

135

140

ccg ggt gag cgc ttt acg gac tcg cag ttc ctg gtg cta atg aac cga 598
 Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg
 145 150 155 160

gtg ctg gca ctg att gtg gct ggc ctc tcc tgt gtt ctc tgc aag cag 646
 Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln
 165 170 175

ccc cgg cat ggg gca ccc atg tac cgg tac tcc ttt gcc agc ctg tcc 694
 Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser
 180 185 190

aat gtg ctt agc agc tgg tgc caa tac gaa gct ctt aag ttc gtc agc 742
 Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser
 195 200 205

ttc ccc acc cag gtg ctg gcc aag gcc tct aag gtg atc cct gtc atg 790
 Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met
 210 215 220

ctg atg gga aag ctt gtg tct cgg cgc agc tac gaa cac tgg gag tac 838
 Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr
 225 230 235 240

ctg aca gcc acc ctc atc tcc att ggg gtc agc atg ttt ctg cta tcc 886
 Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser
 245 250 255

agc gga cca gag ccc cgc agc tcc cca gcc acc aca ctc tca ggc ctc 934

Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu

260

265

270

ttc aca gtg ggc tca ctg cta gaa cag ggg gcc cta ctg gag gga acc 982

Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr

275

280

285

cgc ttc atg ggg cga cac agt gag ttt gct gcc cat gcc ctg cta ctc 1030

Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu

290

295

300

tcc atc tgc tcc gca tgt ggc cag ctc ttc atc ttt tac acc att ggg 1078

Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly

305

310

315

320

cag ttt ggg gct gcc gtc ttc acc atc atc atg acc ctc cgc cag gcc 1126

Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala

325

330

335

ttt gcc atc ctt ctt tcc tgc ctt ctc tat ggc cac act gtc act gtg 1174

Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val

340

345

350

gtg gga ggg ctg ggg gtg gct gtg gtc ttt gct gcc ctc ctg ctc aga 1222

Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg

355

360

365

gtc tac gcg cgg ggc cgt cta aag caa cgg gga aag aag gct gtg cct 1270

Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro

370

375

380

gtt gag tct cct gtg cag aag gtt tgagggtgga aagggcctga ggggtgaagt 1324

Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

385

390

gaaataggac cctcccacca tccccttctg ctgtaacctc tgagggagct ggctgaaagg 1384

gcaaaatgca ggtgttttct cagtatcaca gaccagctct gcagcagggg attggggagc 1444

ccaggaggca gccttccctt ttgccttaag tcacccatct tccagtaagc agttttattct 1504

gagccccggg ggtagacagt cctcagttag gggttttggg gagtttgggg tcaagagagc 1564

ataggtaggt tccacagtta ctcttccac aagttccctt aagtcttgcc ctagctgtgc 1624

tctgccacct tccagactca ctcccctctg caaataacct catttcttac cctgggtgaga 1684

aaagcacaag cggtgtaggc tccaatgctg ctttcccagg aggggtgaaga tgggtgctgtg 1744

ctgaggaaag gggatgcaga gccctgcca gcaccaccac ctccatgct cctggatccc 1804

taggctctgt tccatgagcc tgttgcaggt tttggtactt tagaaatgta actttttgct 1864

cttataattt tattttatta aattaaatta ctgc 1898

<210> 85

<211> 432

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 85

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1 5 10 15

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20 25 30

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35 40 45

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50 55 60

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65 70 75 80

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85 90 95

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100 105 110

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115 120 125

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser

130

135

140

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg

145

150

155

160

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln

165

170

175

Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser

180

185

190

Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser

195

200

205

Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met

210

215

220

Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr

225

230

235

240

Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser

245

250

255

Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu

260

265

270

Ile Leu Leu Ala Gly Tyr Ile Ala Phe Asp Ser Phe Thr Ser Asn Trp

275

280

285

Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Lys Met Ser Ser Val Gln Met Met Phe
 290 295 300

Gly Val Asn Phe Phe Ser Cys Leu Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu
 305 310 315 320

Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu
 325 330 335

Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln
 340 345 350

Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr
 355 360 365

Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu
 370 375 380

Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val
 385 390 395 400

Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys
 405 410 415

Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val
 420 425 430

<210> 86

<211> 2018

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(1414)

<400> 86

acttccgctg gccgctggct cgctggccgc tcctggaggc ggcggcggga gcgcaggggg 60

cgcgcgggccc ggggactcgc attccccggt tccccctcca cccacgcgg cctggacc 118

atg gac gcc aga tgg tgg gca gtg gtg gtg ctg gct gcg ttc ccc tcc 166

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1 5 10 15

cta ggg gca ggt ggg gag act ccc gaa gcc cct ccg gag tca tgg acc 214

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20 25 30

cag cta tgg ttc ttc cga ttt gtg gtg aat gct gct ggc tat gcc agc 262

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35 40 45

ttt atg gta cct ggc tac ctc ctg gtg cag tac ttc agg cgg aag aac 310

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50 55 60

tac ctg gag acc ggt agg ggc ctc tgc ttt ccc ctg gtg aaa gct tgt 358

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65 70 75 80

gtg ttt ggc aat gag ccc aag gcc tct gat gag gtt ccc ctg gcg ccc 406

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85 90 95

cga aca gag gcg gca gag acc acc ccg atg tgg cag gcc ctg aag ctg 454

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100 105 110

ctc ttc tgt gcc aca ggg ctc cag gtg tct tat ctg act tgg ggt gtg 502

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115 120 125

ctg cag gaa aga gtg atg acc cgc agc tat ggg gcc aca gcc aca tca 550

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser

130 135 140

ccg ggt gag cgc ttt acg gac tcg cag ttc ctg gtg cta atg aac cga 598

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg

145 150 155 160

gtg ctg gca ctg att gtg gct ggc ctc tcc tgt gtt ctc tgc aag cag 646

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln

165 170 175

ccc cgg cat ggg gca ccc atg tac cgg tac tcc ttt gcc agc ctg tcc 694
Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser
180 185 190

aat gtg ctt agc agc tgg tgc caa tac gaa gct ctt aag ttc gtc agc 742
Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser
195 200 205

ttc ccc acc cag gtg ctg gcc aag gcc tct aag gtg atc cct gtc atg 790
Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met
210 215 220

ctg atg gga aag ctt gtg tct cgg cgc agc tac gaa cac tgg gag tac 838
Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr
225 230 235 240

ctg aca gcc acc ctc atc tcc att ggg gtc agc atg ttt ctg cta tcc 886
Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser
245 250 255

agc gga cca gag ccc cgc agc tcc cca gcc acc aca ctc tca ggc ctc 934
Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu
260 265 270

atc tta ctg gca ggt tat att gct ttt gac agc ttc acc tca aac tgg 982
Ile Leu Leu Ala Gly Tyr Ile Ala Phe Asp Ser Phe Thr Ser Asn Trp
275 280 285

cag gat gcc ctg ttt gcc tat aag atg tca tcg gtg cag atg atg ttt 1030

Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Lys Met Ser Ser Val Gln Met Met Phe
 290 295 300

ggg gtc aat ttc ttc tcc tgc ctc ttc aca gtg ggc tca ctg cta gaa 1078
 Gly Val Asn Phe Phe Ser Cys Leu Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu
 305 310 315 320

cag ggg gcc cta ctg gag gga acc cgc ttc atg ggg cga cac agt gag 1126
 Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu
 325 330 335

ttt gct gcc cat gcc ctg cta ctc tcc atc tgc tcc gca tgt ggc cag 1174
 Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln
 340 345 350

ctc ttc atc ttt tac acc att ggg cag ttt ggg gct gcc gtc ttc acc 1222
 Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr
 355 360 365

atc atc atg acc ctc cgc cag gcc ttt gcc atc ctt ctt tcc tgc ctt 1270
 Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu
 370 375 380

ctc tat ggc cac act gtc act gtg gtg gga ggg ctg ggg gtg gct gtg 1318
 Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val
 385 390 395 400

gtc ttt gct gcc ctc ctg ctc aga gtc tac gcg cgg ggc cgt cta aag 1366
 Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys

405

410

415

caa cgg gga aag aag gct gtg cct gtt gag tct cct gtg cag aag gtt 1414

Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

420

425

430

tgagggtgga aagggcctga ggggtgaagt gaaataggac cctcccacca tccccttctg 1474

ctgtaacctc tgaggagct ggctgaaagg gcaaaatgca ggtgttttct cagtatcaca 1534

gaccagctct gcagcagggg attggggagc ccaggaggca gccttccctt ttgccttaag 1594

tcacccatct tccagtaagc agttttattct gagccccggg ggtagacagt cctcagttag 1654

gggttttggg gagtttgggg tcaagagagc ataggttagt tccacagtta ctcttcccac 1714

aagtccctt aagtcttgcc ctagctgtgc tctgccacct tccagactca ctcccctctg 1774

caaataacctg catttcttac cctggtgaga aaagcacaag cggtgtaggc tccaatgctg 1834

ctttcccagg aggggtgaaga tgggtgctgtg ctgaggaaag gggatgcaga gccctgcccc 1894

gcaccaccac ctccatgct cctggatccc taggctctgt tccatgagcc tgttgcaggt 1954

tttggtaactt tagaaatgta actttttgct cttataattt tattttatta aattaaatta 2014

ctgc

2018

<210> 87

<211> 235

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 87

Met Gly Ile Gly Lys Ser Lys Ile Asn Ser Cys Pro Leu Ser Leu Ser

1 5 10 15

Trp Gly Lys Arg His Ser Val Asp Thr Ser Pro Gly Tyr His Glu Ser

20 25 30

Asp Ser Lys Lys Ser Glu Asp Leu Ser Leu Cys Asn Val Ala Glu His

35 40 45

Ser Asn Thr Thr Glu Gly Pro Thr Gly Lys Gln Glu Gly Ala Gln Ser

50 55 60

Val Glu Glu Met Phe Glu Glu Glu Ala Glu Glu Glu Val Phe Leu Lys

65 70 75 80

Phe Val Ile Leu His Ala Glu Asp Asp Thr Asp Glu Ala Leu Arg Val

85 90 95

Gln Asn Leu Leu Gln Asp Asp Phe Gly Ile Lys Pro Gly Ile Ile Phe

100 105 110

Ala Glu Met Pro Cys Gly Arg Gln His Leu Gln Asn Leu Asp Asp Ala

115 120 125

Val Asn Gly Ser Ala Trp Thr Ile Leu Leu Leu Thr Glu Asn Phe Leu
130 135 140

Arg Asp Thr Trp Cys Asn Phe Gln Phe Tyr Thr Ser Leu Met Asn Ser
145 150 155 160

Val Asn Arg Gln His Lys Tyr Asn Ser Val Ile Pro Met Arg Pro Leu
165 170 175

Asn Asn Pro Leu Pro Arg Glu Arg Thr Pro Phe Ala Leu Gln Thr Ile
180 185 190

Asn Ala Leu Glu Glu Glu Ser Arg Gly Phe Pro Thr Gln Val Glu Arg
195 200 205

Ile Phe Gln Glu Ser Val Tyr Lys Thr Gln Gln Thr Ile Trp Lys Glu
210 215 220

Thr Arg Asn Met Val Gln Arg Gln Phe Ile Ala
225 230 235

<210> 88

<211> 2717

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (111)..(815)

<400> 88

aaaaggaaga cagaaaagcc gcgggctgac tgtggtggcg ctgcctgca gattgaaaag 60

aaatgctgag aaatacataa agttttcctc ttctgccttg gatatttata atg ggt 116

Met Gly

1

atc ggg aag tct aaa ata aat tcc tgc cct ctt tct ctc tct tgg ggt 164

Ile Gly Lys Ser Lys Ile Asn Ser Cys Pro Leu Ser Leu Ser Trp Gly

5

10

15

aaa agg cac agt gtg gat aca agt cca gga tat cat gag tca gat tcc 212

Lys Arg His Ser Val Asp Thr Ser Pro Gly Tyr His Glu Ser Asp Ser

20

25

30

aag aag tct gaa gat cta tcc ttg tgt aat gtt gct gag cac agc aat 260

Lys Lys Ser Glu Asp Leu Ser Leu Cys Asn Val Ala Glu His Ser Asn

35

40

45

50

aca aca gag ggg cca aca gga aag cag gag gga gct cag agc gtg gaa 308

Thr Thr Glu Gly Pro Thr Gly Lys Gln Glu Gly Ala Gln Ser Val Glu

55

60

65

gag atg ttt gaa gaa gaa gct gaa gaa gag gtg ttc ctc aaa ttt gtg 356

Glu Met Phe Glu Glu Glu Ala Glu Glu Glu Val Phe Leu Lys Phe Val

70

75

80

ata ttg cat gca gaa gat gac aca gat gaa gcc ctc aga gtc cag aat 404

Ile Leu His Ala Glu Asp Asp Thr Asp Glu Ala Leu Arg Val Gln Asn

85

90

95

ctg cta caa gat gac ttt ggt atc aaa ccc gga ata atc ttt gct gag 452

Leu Leu Gln Asp Asp Phe Gly Ile Lys Pro Gly Ile Ile Phe Ala Glu

100

105

110

atg cca tgt ggc aga cag cat tta cag aat tta gat gat gct gta aat 500

Met Pro Cys Gly Arg Gln His Leu Gln Asn Leu Asp Asp Ala Val Asn

115

120

125

130

ggg tct gca tgg aca atc tta tta ctg act gaa aac ttt tta aga gat 548

Gly Ser Ala Trp Thr Ile Leu Leu Leu Thr Glu Asn Phe Leu Arg Asp

135

140

145

act tgg tgt aat ttc cag ttc tat acg tcc cta atg aac tcc gtt aac 596

Thr Trp Cys Asn Phe Gln Phe Tyr Thr Ser Leu Met Asn Ser Val Asn

150

155

160

agg cag cat aaa tac aac tct gtt ata ccc atg cgg ccc ctg aac aat 644

Arg Gln His Lys Tyr Asn Ser Val Ile Pro Met Arg Pro Leu Asn Asn

165

170

175

ccc ctt ccc cga gaa agg act ccc ttt gcc ctc caa acc atc aat gcc 692

Pro Leu Pro Arg Glu Arg Thr Pro Phe Ala Leu Gln Thr Ile Asn Ala

180

185

190

tta gag gaa gaa agt cgt gga ttt cct aca caa gta gaa aga att ttt 740

Leu Glu Glu Glu Ser Arg Gly Phe Pro Thr Gln Val Glu Arg Ile Phe

195 200 205 210

cag gag tct gtg tat aag aca caa caa act ata tgg aaa gag aca aga 788

Gln Glu Ser Val Tyr Lys Thr Gln Gln Thr Ile Trp Lys Glu Thr Arg

215 220 225

aat atg gta caa aga caa ttt att gcc tgagatgaaa catataacat 835

Asn Met Val Gln Arg Gln Phe Ile Ala

230 235

gtggctggct cttgttttgt aaaccaaagtg attaatcttc acttgagaaa gcagtttcta 895

ggaaatgttt aaataaaaga gagtcttcac cttaaagaaa cctatggagc acaagaaaga 955

taaatttctg caggacagcc tataaaattg tgggtactttt tgatgtttca gttaaacttga 1015

cattgtcaga gtttcaagga cttttcttcc acaattttcc tagttcatgg atatgaaaaa 1075

ggaatttctca atccatattc cttgtattga accttgaaca aaaacttgta tgacagacat 1135

ttttaaaaat gtgacaacac ttttattctc tgaattttga tctcaaagga cacagaaaaa 1195

aaatggcccc aggagatctg atcacacttc ctcttgaggc acctctcatg gatgttgcaa 1255

taagcattcg ggtactatca cccagaaata tgaattgccga gaatagaaca tttagcatgt 1315

taagcgttga tgcatataaa atcagaaata gatgtgagaa tgggtggaact ttttaaaaga 1375

accagtc aa atgtattttc tgctgaaatc tgcatatttg gaggcatttc ccaccaccga 1435

ttcacagccc atttgatagt gtggtagtta gggacttcgt ggagtgggtg tcagacgtcc 1495

cctggggctt aaatctcttc atattagtca tcatttgtaa ctatggcttt atttgcagag 1555

cttctaaaag gcgtataact gtgtgagtgg ccagatatc actttttaga tcaaaaacct 1615

ctcttatgga agctttaaaa gtttccgtca cacacaattc tcttctcagg aagtatttct 1675

catttaggtc ttcaaagtag cctgactgtg tgcatgtgtg tgtgtgatag gttatttata 1735

aagactttgg atagaaggag atgtatttta ttacctccta ttctagagcc ccattgctcct 1795

aacaagccag agaggcccca aacaggattg tttctttcct ccacagccct tctgcccatc 1855

tgagattgag ggagcatcgt ccacttgaga tcagggatgg ggtggagaat gggatcatgtc 1915

atgtaatgag aaaagccctc ttcgggatca tgagacttgg ttctagtcca atttctgcc 1975

ctgaggatga atgtaactgt gggcaaacta tttacctcc tttatctgtg aaatgaaagg 2035

gttgaattga tggatctcta aaggcttttg tcctctatga ggatgtgaaa aactagggac 2095

cacaaaaggg aacaagcaaa aaagtttga ttcgataaag tgatatgtaa tagttgcaga 2155

aggctttata tatgcttata atgaaaagat attttttgta tattgacagc ataatttatt 2215

tttaatgctg tcattacact taaagtcaca ggaaaaaaat atacatgctt actcaggctt 2275

tcttaaaaat aaatttttat agagatcctt gagtaaagac attttgctta atttcttttt 2335

tcttattccc cacttgata tcccctacca gtaccgggat ctgcacacat ctttttgcag 2395

ttacctcttc atagccatga accaaaacgt tctatgagga gcatgcaagt aagtcaagcc 2455

tcctattctg ttagtactta ttagaggagg agatggtttt cattgcatag tgacattttc 2515

ttagccttaa cgttctgata gtagcttact actcacttct ctttttcagt tttcataata 2575

agtattcatt tttttgcat aatgcttcct gtaaagccaa ttttatatac taataaaaca 2635

tgaactgccc actcttcatg cctgccaaac ttggggcaat tgatgctaaa tggatattttt 2695

aaaataaatg tttttattct tt 2717

<210> 89

<211> 245

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 89

Met Ala Ser Pro Ser Arg Arg Leu Gln Thr Lys Pro Val Ile Thr Cys

1

5

10

15

Phe Lys Ser Val Leu Leu Ile Tyr Thr Phe Ile Phe Trp Ile Thr Gly

20

25

30

Val Ile Leu Leu Ala Val Gly Ile Trp Gly Lys Val Ser Leu Glu Asn

35

40

45

Tyr Phe Ser Leu Leu Asn Glu Lys Ala Thr Asn Val Pro Phe Val Leu

50

55

60

Ile Ala Thr Gly Thr Val Ile Ile Leu Leu Gly Thr Phe Gly Cys Phe

65

70

75

80

Ala Thr Cys Arg Ala Ser Ala Trp Met Leu Lys Leu Tyr Ala Met Phe

85

90

95

Leu Thr Leu Val Phe Leu Val Glu Leu Val Ala Ala Ile Val Gly Phe

100

105

110

Val Phe Arg His Glu Ile Lys Asn Ser Phe Lys Asn Asn Tyr Glu Lys

115

120

125

Ala Leu Lys Gln Tyr Asn Ser Thr Gly Asp Tyr Arg Ser His Ala Val

130

135

140

Asp Lys Ile Gln Asn Thr Leu His Cys Cys Gly Val Thr Asp Tyr Arg

145

150

155

160

Asp Trp Thr Asp Thr Asn Tyr Tyr Ser Glu Lys Gly Phe Pro Lys Ser

165

170

175

Cys Cys Lys Leu Glu Asp Cys Thr Pro Gln Arg Asp Ala Asp Lys Val
 180 185 190

Asn Asn Glu Gly Cys Phe Ile Lys Val Met Thr Ile Ile Glu Ser Glu
 195 200 205

Met Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Phe Gly Val Ala Cys Phe Gln Leu
 210 215 220

Ile Gly Ile Phe Leu Ala Tyr Cys Leu Ser Arg Ala Ile Thr Asn Asn
 225 230 235 240

Gln Tyr Glu Ile Val
 245

<210> 90

<211> 1793

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (60)..(794)

<400> 90

gcgtctcgct ctctgtgttc caatcgcccg gtgcggtggt gcagggtctc gggctagtc 59

atg gcg tcc ccg tct cgg aga ctg cag act aaa cca gtc att act tgt 107

Met Ala Ser Pro Ser Arg Arg Leu Gln Thr Lys Pro Val Ile Thr Cys

1

5

10

15

ttc aag agc gtt ctg cta atc tac act ttt att ttc tgg atc act ggc 155

Phe Lys Ser Val Leu Leu Ile Tyr Thr Phe Ile Phe Trp Ile Thr Gly

20

25

30

gtt atc ctt ctt gca gtt ggc att tgg ggc aag gtg agc ctg gag aat 203

Val Ile Leu Leu Ala Val Gly Ile Trp Gly Lys Val Ser Leu Glu Asn

35

40

45

tac ttt tct ctt tta aat gag aag gcc acc aat gtc ccc ttc gtg ctc 251

Tyr Phe Ser Leu Leu Asn Glu Lys Ala Thr Asn Val Pro Phe Val Leu

50

55

60

att gct act ggt acc gtc att att ctt ttg ggc acc ttt ggt tgt ttt 299

Ile Ala Thr Gly Thr Val Ile Ile Leu Leu Gly Thr Phe Gly Cys Phe

65

70

75

80

gct acc tgc cga gct tct gca tgg atg cta aaa ctg tat gca atg ttt 347

Ala Thr Cys Arg Ala Ser Ala Trp Met Leu Lys Leu Tyr Ala Met Phe

85

90

95

ctg act ctc gtt ttt ttg gtc gaa ctg gtc gct gcc atc gta gga ttt 395

Leu Thr Leu Val Phe Leu Val Glu Leu Val Ala Ala Ile Val Gly Phe

100

105

110

gtt ttc aga cat gag att aag aac agc ttt aag aat aat tat gag aag 443

Val Phe Arg His Glu Ile Lys Asn Ser Phe Lys Asn Asn Tyr Glu Lys

115

120

125

gct ttg aag cag tat aac tct aca gga gat tat aga agc cat gca gta 491

Ala Leu Lys Gln Tyr Asn Ser Thr Gly Asp Tyr Arg Ser His Ala Val

130

135

140

gac aag atc caa aat acg ttg cat tgt tgt ggt gtc acc gat tat aga 539

Asp Lys Ile Gln Asn Thr Leu His Cys Cys Gly Val Thr Asp Tyr Arg

145

150

155

160

gat tgg aca gat act aat tat tac tca gaa aaa gga ttt cct aag agt 587

Asp Trp Thr Asp Thr Asn Tyr Tyr Ser Glu Lys Gly Phe Pro Lys Ser

165

170

175

tgc tgt aaa ctt gaa gat tgt act cca cag aga gat gca gac aaa gta 635

Cys Cys Lys Leu Glu Asp Cys Thr Pro Gln Arg Asp Ala Asp Lys Val

180

185

190

aac aat gaa ggt tgt ttt ata aag gtg atg acc att ata gag tca gaa 683

Asn Asn Glu Gly Cys Phe Ile Lys Val Met Thr Ile Ile Glu Ser Glu

195

200

205

atg gga gtc gtt gca gga att tcc ttt gga gtt gct tgc ttc caa ctg 731

Met Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Phe Gly Val Ala Cys Phe Gln Leu

210

215

220

att gga atc ttt ctc gcc tac tgc ctc tct cgt gcc ata aca aat aac 779

Ile Gly Ile Phe Leu Ala Tyr Cys Leu Ser Arg Ala Ile Thr Asn Asn

225

230

235

240

cag tat gag ata gtg taacccaatg tatctgtggg cctattcctc tctaccttta 834

Gln Tyr Glu Ile Val

245

aggacattta ggggtcccccc tgtgaattag aaagttgctt ggctggagaa ctgacaacac 894

tacttactga tagaccaaaa aactacacca gtaggttgat tcaatcaaga tgtatgtaga 954

cctaaaacta caccaatagg ctgattcaat caagatccgt gctcgcagtg ggctgattca 1014

atcaagatgt atgtttgcta tgttctaagt ccaccttcta tcccattcat gttagatcgt 1074

tgaaaccctg tatccctctg aaacactgga agagctagta aattgtaaat gaagtaatac 1134

tgtgttcctc ttgactgtta tttttcttag tagggggcct ttggaaggca ctgtgaattt 1194

gctattttga tgtagtgta caagatggaa aattgattcc tctgactttg ctattgatgt 1254

agtgtgatag aaaattcacc cctctgaact ggctccttcc cagtcaaggt tatctggttt 1314

gattgtataa tttgcaccaa gaagttaaaa tgttttatga ctctctgttc tgctgacagg 1374

cagagagtca catttgttaa ttttaattca gtcagtcaat agatggcatc cctcatcagg 1434

gttgccagat ggtgataaca gtgtaaggcc ttgggtctaa ggcatccacg actggaaggg 1494

actactgatg ttctgtgata catcaggttt cagcacacaa cttacatttc tttgcctcca 1554

aattgaggca tttattatga tgttcataact ttccctcttg tttgaaagtt tctaattatt 1614

aaatggtgtc ggaattgttg tattttcctt aggaattcag tggaacttat cttcattaaa 1674

tttagctggg accaggttga tatgacttgt caatattatg gtcaacttta agtcttagtt 1734

ttcgtttgtg cctttgatta ataagtataa ctcttataca ataaatactg ctttcctct 1793

<210> 91

<211> 180

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 91

Met Ala Ser Thr Ser Tyr Asp Tyr Cys Arg Val Pro Met Glu Asp Gly

1

5

10

15

Asp Lys Arg Cys Lys Leu Leu Leu Gly Ile Gly Ile Leu Val Leu Leu

20

25

30

Ile Ile Val Ile Leu Gly Val Pro Leu Ile Ile Phe Thr Ile Lys Ala

35

40

45

Asn Ser Glu Ala Cys Arg Asp Gly Leu Arg Ala Val Met Glu Cys Arg

50

55

60

Asn Val Thr His Leu Leu Gln Gln Glu Leu Thr Glu Ala Gln Lys Gly

65

70

75

80

Phe Gln Asp Val Glu Ala Gln Ala Ala Thr Cys Asn His Thr Val Met

85

90

95

Ala Leu Met Ala Ser Leu Asp Ala Glu Lys Ala Gln Gly Gln Lys Lys

100

105

110

Val Glu Glu Leu Glu Gly Glu Ile Thr Thr Leu Asn His Lys Leu Gln

115

120

125

Asp Ala Ser Ala Glu Val Glu Arg Leu Arg Arg Glu Asn Gln Val Leu

130

135

140

Ser Val Arg Ile Ala Asp Lys Lys Tyr Tyr Pro Ser Ser Gln Asp Ser

145

150

155

160

Ser Ser Ala Ala Ala Pro Gln Leu Leu Ile Val Leu Leu Gly Leu Ser

165

170

175

Ala Leu Leu Gln

180

<210> 92

<211> 970

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (26)..(565)

<400> 92

tttttcagct aaaggggaga tctgg atg gca tct act tcg tat gac tat tgc 52

Met Ala Ser Thr Ser Tyr Asp Tyr Cys

1

5

aga gtg ccc atg gaa gac ggg gat aag cgc tgt aag ctt ctg ctg ggg 100

Arg Val Pro Met Glu Asp Gly Asp Lys Arg Cys Lys Leu Leu Leu Gly

10

15

20

25

ata gga att ctg gtg ctc ctg atc atc gtg att ctg ggg gtg ccc ttg 148

Ile Gly Ile Leu Val Leu Leu Ile Ile Val Ile Leu Gly Val Pro Leu

30

35

40

att atc ttc acc atc aag gcc aac agc gag gcc tgc cgg gac ggc ctt 196

Ile Ile Phe Thr Ile Lys Ala Asn Ser Glu Ala Cys Arg Asp Gly Leu

45

50

55

cgg gca gtg atg gag tgt cgc aat gtc acc cat ctc ctg caa caa gag 244

Arg Ala Val Met Glu Cys Arg Asn Val Thr His Leu Leu Gln Gln Glu

60

65

70

ctg acc gag gcc cag aag ggc ttt cag gat gtg gag gcc cag gct gcc 292

Leu Thr Glu Ala Gln Lys Gly Phe Gln Asp Val Glu Ala Gln Ala Ala

75

80

85

acc tgc aac cac act gtg atg gcc cta atg gct tcc ctg gat gca gag 340

Thr Cys Asn His Thr Val Met Ala Leu Met Ala Ser Leu Asp Ala Glu

90

95

100

105

aag gcc caa gga caa aag aaa gtg gag gag ctt gag gga gag atc act 388

Lys Ala Gln Gly Gln Lys Lys Val Glu Glu Leu Glu Gly Glu Ile Thr

110

115

120

aca tta aac cat aag ctt cag gac gcg tct gca gag gtg gag cga ctg 436

Thr Leu Asn His Lys Leu Gln Asp Ala Ser Ala Glu Val Glu Arg Leu

125

130

135

aga aga gaa aac cag gtc tta agc gtg aga atc gcg gac aag aag tac 484

Arg Arg Glu Asn Gln Val Leu Ser Val Arg Ile Ala Asp Lys Lys Tyr

140

145

150

tac ccc agc tcc cag gac tcc agc tcc gct gcg gcg ccc cag ctg ctg 532

Tyr Pro Ser Ser Gln Asp Ser Ser Ser Ala Ala Ala Pro Gln Leu Leu

155

160

165

att gtg ctg ctg ggc ctc agc gct ctg ctg cag tgagatccca ggaagctggc 585

Ile Val Leu Leu Gly Leu Ser Ala Leu Leu Gln

170

175

180

acatcttgga aggtccgtcc tgctcggctt ttcgcttgaa cattcccttg atctcatcag 645

ttctgagcgg gtcattggggc aacacgggta gcgggggagag cacggggtag ccggagaagg 705

gcctctggag caggtctgga ggggccatgg ggcagtcctg ggtgtgggga cacagtcggg 765

ttgaccagg gctgtctccc tccagagcct ccctccggac aatgagtcce ccctcttgct 825

tcccaccctg agattgggca tggggtgcgg tgtggggggc atgtgctgcc tgttgttatg 885

ggtttttttt gcgggggggg ttgctttttt ctgggggtctt tgagctccaa aaaataaaca 945

cttcctttga gggagagcac acctt 970

<210> 93

<211> 331

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 93

Met Asp Ser Glu Lys Lys Arg Phe Thr Glu Glu Ala Thr Lys Tyr Phe

1 5 10 15

Arg Glu Arg Val Ser Pro Val His Leu Gln Ile Leu Leu Thr Asn Asn

20 25 30

Glu Ala Trp Lys Arg Phe Val Thr Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asp Glu

35 40 45

Ala Asp Ala Leu Tyr Glu Ala Leu Lys Lys Leu Arg Thr Tyr Ala Ala

50 55 60

Ile Glu Asp Glu Tyr Val Gln Gln Lys Asp Glu Gln Phe Arg Glu Trp

65 70 75 80

Phe Leu Lys Glu Phe Pro Gln Val Lys Arg Lys Ile Gln Glu Ser Ile
85 90 95

Glu Lys Leu Arg Ala Leu Ala Asn Gly Ile Glu Glu Val His Arg Gly
100 105 110

Cys Thr Ile Ser Asn Val Val Ser Ser Ser Thr Gly Ala Ala Ser Gly
115 120 125

Ile Met Ser Leu Ala Gly Leu Val Leu Ala Pro Phe Thr Ala Gly Thr
130 135 140

Ser Leu Ala Leu Thr Ala Ala Gly Val Gly Leu Gly Ala Ala Ser Ala
145 150 155 160

Val Thr Gly Ile Thr Thr Ser Ile Val Glu His Ser Tyr Thr Ser Ser
165 170 175

Ala Glu Ala Glu Ala Ser Arg Leu Thr Ala Thr Ser Ile Asp Arg Leu
180 185 190

Lys Val Phe Lys Glu Val Met Arg Asp Ile Thr Pro Asn Leu Leu Ser
195 200 205

Leu Leu Asn Asn Tyr Tyr Glu Ala Thr Gln Thr Ile Gly Ser Glu Ile
210 215 220

Arg Ala Ile Arg Gln Ala Arg Ala Arg Ala Arg Leu Pro Val Thr Thr

240

255

270

285

300

320

330

<213> Homo sapiens

<222> (175) .. (1167)

<400> 94

attatgcaga tgcacggctg gaggtgggat ccacacagct cagaacagct ggatcttgct 60

cacactcttt caagagaagc ttccttgggt taagaaaaaa aacgaaccct tccagtcagg 120

tcagtgactg gagagctcca aggaaagtct ctcagtgacc tggctgctgg cacc atg 177

Met

1

gac tca gaa aag aaa cgc ttt act gaa gag gcc acc aaa tac ttc cgg 225

Asp Ser Glu Lys Lys Arg Phe Thr Glu Glu Ala Thr Lys Tyr Phe Arg

5

10

15

gag aga gtc agc cca gtg cat ctg caa atc ctg ctg act aac aat gaa 273

Glu Arg Val Ser Pro Val His Leu Gln Ile Leu Leu Thr Asn Asn Glu

20

25

30

gcc tgg aag aga ttc gtg act gcg gct gaa ttg ccc agg gat gag gca 321

Ala Trp Lys Arg Phe Val Thr Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asp Glu Ala

35

40

45

gat gct ctc tac gaa gct ctg aag aag ctt aga aca tat gca gct att 369

Asp Ala Leu Tyr Glu Ala Leu Lys Lys Leu Arg Thr Tyr Ala Ala Ile

50

55

60

65

gag gac gaa tat gtg cag cag aaa gat gag cag ttt agg gaa tgg ttt 417

Glu Asp Glu Tyr Val Gln Gln Lys Asp Glu Gln Phe Arg Glu Trp Phe

70

75

80

ttg aaa gag ttt ccc caa gtc aag agg aag atc cag gag tcc ata gaa 465
Leu Lys Glu Phe Pro Gln Val Lys Arg Lys Ile Gln Glu Ser Ile Glu

85

90

95

aag ctt cgt gcc ctt gca aat ggt att gaa gag gtc cac aga ggc tgc 513
Lys Leu Arg Ala Leu Ala Asn Gly Ile Glu Glu Val His Arg Gly Cys

100

105

110

acc atc tcc aac gtg gtg tcc agc tcc act ggc gct gcc tct ggc atc 561
Thr Ile Ser Asn Val Val Ser Ser Ser Thr Gly Ala Ala Ser Gly Ile

115

120

125

atg tcc ctt gct ggt ctt gtt ttg gca cca ttt aca gca ggg acg agt 609
Met Ser Leu Ala Gly Leu Val Leu Ala Pro Phe Thr Ala Gly Thr Ser

130

135

140

145

ctg gcc ctt act gca gct ggg gta ggg ctg gga gca gcg tct gct gtg 657
Leu Ala Leu Thr Ala Ala Gly Val Gly Leu Gly Ala Ala Ser Ala Val

150

155

160

act ggg atc acc acc agc atc gtg gag cac tca tac aca tca tca gca 705
Thr Gly Ile Thr Thr Ser Ile Val Glu His Ser Tyr Thr Ser Ser Ala

165

170

175

gaa gct gaa gcc agc agg ctg act gca acc agc att gac cga ttg aag 753
Glu Ala Glu Ala Ser Arg Leu Thr Ala Thr Ser Ile Asp Arg Leu Lys

180

185

190

gta ttt aag gaa gtt atg cgt gac atc aca ccc aac tta ctt tcc ctt 801

Val Phe Lys Glu Val Met Arg Asp Ile Thr Pro Asn Leu Leu Ser Leu

195

200

205

ctt aat aat tat tac gaa gcc aca caa acc att ggg agt gaa atc cgt 849

Leu Asn Asn Tyr Tyr Glu Ala Thr Gln Thr Ile Gly Ser Glu Ile Arg

210

215

220

225

gcc atc agg caa gcc aga gcc agg gcc cga ctc cct gtg acc acc tgg 897

Ala Ile Arg Gln Ala Arg Ala Arg Ala Arg Leu Pro Val Thr Thr Trp

230

235

240

cga atc tca gct gga agt ggt ggt caa gca gag aga acg att gca ggc 945

Arg Ile Ser Ala Gly Ser Gly Gly Gln Ala Glu Arg Thr Ile Ala Gly

245

250

255

acc acc cgg gca gtg agc aga gga gcc cgg atc ctg agt gcg acc act 993

Thr Thr Arg Ala Val Ser Arg Gly Ala Arg Ile Leu Ser Ala Thr Thr

260

265

270

tca ggc atc ttc ctt gca ctg gat gtg gtc aac ctt gta tac gag tca 1041

Ser Gly Ile Phe Leu Ala Leu Asp Val Val Asn Leu Val Tyr Glu Ser

275

280

285

aag cac ttg cat gag ggg gca aag tct gca tct gct gag gag ctg agg 1089

Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys Ser Ala Ser Ala Glu Glu Leu Arg

290

295

300

305

cgg cag gct cag gag ctg gag gag aat cta atg gag ctc act cag atc 1137

Arg Gln Ala Gln Glu Leu Glu Glu Asn Leu Met Glu Leu Thr Gln Ile

310

315

320

tat cag cgt ctg aat cca tgc cat acc cac tgaccccaga ccagtgcagc 1187

Tyr Gln Arg Leu Asn Pro Cys His Thr His

325

330

cagcagggga ggtgagccat acacaggcca cgacaaaatg caggcatttt attaggggga 1247

taaagagggc aaggtaaagt ttatggagct gagtgttagt gactttggca tttctgtagc 1307

tgagcacagc aggggagggg ttaatgcaga tggcaagtgc accaaggaga aggcaggaat 1367

gctggagcct ggaataaggg aggagagggg actggagagt gtggggaata ggaagaagaa 1427

atttccttta gactaacgaa tatattgggg ggaggaatag aggggaggtg tgcaggaacc 1487

agcaatgaga aggccaggaa aagaaagagc tgaaaatgca gaaagccgaa gagttagaac 1547

ttttggatac agcagaagaa acagcggctc cactaccgac ctgcccccg ttcgatgtcc 1607

ttccaagaat gaagtctttc cctggtgatg gtcccctgcc ctgtctttcc agcatccact 1667

ctgtcttgtc ctcciggaag tgtatctcag tcagccagtg gcttcttgat gatggcggtg 1727

gaggtggtgg ttgtagtgtg atggatcccc tttaggttat ttaggggtat atgtcccctg 1787

cttgaaccct gaaggccagg taatgagcca tggccattgt ccccagctga ggaccaggtg 1847

tctctaaaaa cccaaacatc ctggagagta tgcgagaacc taccaagaaa aacagtctca 1907

ttactcatat acagcaggca aagagacaga aaattaactg aaaagcagtt tagagactgg 1967

gggaggccgg atctctagag ccattctgct gagggccctg tgtgtaagtc ctaataaact 2027

cacctactca cc 2039

<210> 95

<211> 407

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 95

Met Glu Leu Leu Glu Glu Asp Leu Thr Cys Pro Ile Cys Cys Ser Leu

1 5 10 15

Phe Asp Asp Pro Arg Val Leu Pro Cys Ser His Asn Phe Cys Lys Lys

20 25 30

Cys Leu Glu Gly Ile Leu Glu Gly Ser Val Arg Asn Ser Leu Trp Arg

35 40 45

Pro Ala Pro Phe Lys Cys Pro Thr Cys Arg Lys Glu Thr Ser Ala Thr

50 55 60

Gly Ile Asn Ser Leu Gln Val Asn Tyr Ser Leu Lys Gly Ile Val Glu

65 70 75 80

Lys Tyr Asn Lys Ile Lys Ile Ser Pro Lys Met Pro Val Cys Lys Gly
85 90 95

His Leu Gly Gln Pro Leu Asn Ile Phe Cys Leu Thr Asp Met Gln Leu
100 105 110

Ile Cys Gly Ile Cys Ala Thr Arg Gly Glu His Thr Lys His Val Phe
115 120 125

Cys Ser Ile Glu Asp Ala Tyr Ala Gln Glu Arg Asp Ala Phe Glu Ser
130 135 140

Leu Phe Gln Ser Phe Glu Thr Trp Arg Arg Gly Asp Ala Leu Ser Arg
145 150 155 160

Leu Asp Thr Leu Glu Thr Ser Lys Arg Lys Ser Leu Gln Leu Leu Thr
165 170 175

Lys Asp Ser Asp Lys Val Lys Glu Phe Phe Glu Lys Leu Gln His Thr
180 185 190

Leu Asp Gln Lys Lys Asn Glu Ile Leu Ser Asp Phe Glu Thr Met Lys
195 200 205

Leu Ala Val Met Gln Ala Tyr Asp Pro Glu Ile Asn Lys Leu Asn Thr
210 215 220

Ile Leu Gln Glu Gln Arg Met Ala Phe Asn Ile Ala Glu Ala Phe Lys

225 230 235 240

Asp Val Ser Glu Pro Ile Val Phe Leu Gln Gln Met Gln Glu Phe Arg

245 250 255

Glu Lys Ile Lys Val Ile Lys Glu Thr Pro Leu Pro Pro Ser Asn Leu

260 265 270

Pro Ala Ser Pro Leu Met Lys Asn Phe Asp Thr Ser Gln Trp Glu Asp

275 280 285

Ile Lys Leu Val Asp Val Asp Lys Leu Ser Leu Pro Gln Asp Thr Gly

290 295 300

Thr Phe Ile Ser Lys Ile Pro Trp Ser Phe Tyr Lys Leu Phe Leu Leu

305 310 315 320

Ile Leu Leu Leu Gly Leu Val Ile Val Phe Gly Pro Thr Met Phe Leu

325 330 335

Glu Trp Ser Leu Phe Asp Asp Leu Ala Thr Trp Lys Gly Cys Leu Ser

340 345 350

Asn Phe Ser Ser Tyr Leu Thr Lys Thr Ala Asp Phe Ile Glu Gln Ser

355 360 365

Val Phe Tyr Trp Glu Gln Val Thr Asp Gly Phe Phe Ile Phe Asn Glu

370 375 380

Arg Phe Lys Asn Phe Thr Leu Val Val Leu Asn Asn Val Ala Glu Phe

385

390

395

400

Val Cys Lys Tyr Lys Leu Leu

405

<210> 96

<211> 1409

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (181)..(1401)

<400> 96

gctgtgcttg gcgcgtaccg tgcggtccct gtagttggag gacgggcggt cgcgcggcct 60

ttcccactag ccggagtagc ctctagttag ttagtcaaaa cgtgaaaaaa aaagacctgc 120

tttgccctgg gaaatagtaa ccctgccaaa tacatcagct ttagggagac agaggatgtg 180

atg gag ctg ctt gaa gaa gat ctc aca tgc cct att tgt tgt agt ctg 228

Met Glu Leu Leu Glu Glu Asp Leu Thr Cys Pro Ile Cys Cys Ser Leu

1

5

10

15

ttt gat gat cca cgg gtt ttg cct tgc tcc cac aac ttc tgc aaa aaa 276

Phe Asp Asp Pro Arg Val Leu Pro Cys Ser His Asn Phe Cys Lys Lys

20

25

30

tgc tta gaa ggt atc tta gaa ggg agt gtg cgg aat tcc ttg tgg aga 324

Cys Leu Glu Gly Ile Leu Glu Gly Ser Val Arg Asn Ser Leu Trp Arg

35

40

45

cca gct cca ttc aag tgt cct aca tgc cgt aag gaa act tca gct act 372

Pro Ala Pro Phe Lys Cys Pro Thr Cys Arg Lys Glu Thr Ser Ala Thr

50

55

60

gga att aat agc ctg cag gtt aat tac tcc ctg aag ggt att gtg gaa 420

Gly Ile Asn Ser Leu Gln Val Asn Tyr Ser Leu Lys Gly Ile Val Glu

65

70

75

80

aag tat aac aag atc aag atc tct ccc aaa atg cca gta tgc aaa gga 468

Lys Tyr Asn Lys Ile Lys Ile Ser Pro Lys Met Pro Val Cys Lys Gly

85

90

95

cac ttg ggg cag cct ctc aac att ttc tgc ctg act gat atg cag ctg 516

His Leu Gly Gln Pro Leu Asn Ile Phe Cys Leu Thr Asp Met Gln Leu

100

105

110

att tgt ggg atc tgt gct act cgt ggg gag cac acc aaa cat gtc ttc 564

Ile Cys Gly Ile Cys Ala Thr Arg Gly Glu His Thr Lys His Val Phe

115

120

125

tgt tct att gaa gat gcc tat gct cag gaa agg gat gcc ttt gag tcc 612

Cys Ser Ile Glu Asp Ala Tyr Ala Gln Glu Arg Asp Ala Phe Glu Ser

130

135

140

ctc ttc cag agc ttt gag acc tgg cgt cgg gga gat gct ctt tct cgc 660
 Leu Phe Gln Ser Phe Glu Thr Trp Arg Arg Gly Asp Ala Leu Ser Arg
 145 150 155 160

ttg gat acc ttg gaa act agt aag agg aaa tcc cta cag tta ctg act 708
 Leu Asp Thr Leu Glu Thr Ser Lys Arg Lys Ser Leu Gln Leu Leu Thr
 165 170 175

aaa gat tca gat aaa gtg aag gaa ttt ttt gag aag tta caa cac aca 756
 Lys Asp Ser Asp Lys Val Lys Glu Phe Phe Glu Lys Leu Gln His Thr
 180 185 190

ctg gat caa aag aag aat gaa att ctg tct gac ttt gag acc atg aaa 804
 Leu Asp Gln Lys Lys Asn Glu Ile Leu Ser Asp Phe Glu Thr Met Lys
 195 200 205

ctt gct gtt atg caa gca tat gac cca gag atc aac aaa ctc aac acc 852
 Leu Ala Val Met Gln Ala Tyr Asp Pro Glu Ile Asn Lys Leu Asn Thr
 210 215 220

atc ttg cag gag caa cgg atg gcc ttt aac att gct gag gct ttc aaa 900
 Ile Leu Gln Glu Gln Arg Met Ala Phe Asn Ile Ala Glu Ala Phe Lys
 225 230 235 240

gat gtg tca gaa ccc att gta ttt ctg caa cag atg cag gag ttt aga 948
 Asp Val Ser Glu Pro Ile Val Phe Leu Gln Gln Met Gln Glu Phe Arg
 245 250 255

gag aaa atc aaa gta atc aag gaa act cct tta cct ccc tct aat ttg 996

Glu Lys Ile Lys Val Ile Lys Glu Thr Pro Leu Pro Pro Ser Asn Leu

260

265

270

cct gca agc cct tta atg aag aac ttt gat acc agt cag tgg gaa gac 1044

Pro Ala Ser Pro Leu Met Lys Asn Phe Asp Thr Ser Gln Trp Glu Asp

275

280

285

ata aaa cta gtc gat gtg gat aaa ctt tct ttg cct caa gac act ggc 1092

Ile Lys Leu Val Asp Val Asp Lys Leu Ser Leu Pro Gln Asp Thr Gly

290

295

300

aca ttc att agc aag att ccc tgg agc ttt tat aag tta ttt ttg cta 1140

Thr Phe Ile Ser Lys Ile Pro Trp Ser Phe Tyr Lys Leu Phe Leu Leu

305

310

315

320

atc ctt ctg ctt ggc ctt gtc att gtc ttt ggt cct acc atg ttc cta 1188

Ile Leu Leu Leu Gly Leu Val Ile Val Phe Gly Pro Thr Met Phe Leu

325

330

335

gaa tgg tca tta ttt gat gac ctg gca act tgg aaa ggc tgt ctt tca 1236

Glu Trp Ser Leu Phe Asp Asp Leu Ala Thr Trp Lys Gly Cys Leu Ser

340

345

350

aac ttc agt tcc tat ctg act aaa aca gcc gat ttc ata gaa caa tca 1284

Asn Phe Ser Ser Tyr Leu Thr Lys Thr Ala Asp Phe Ile Glu Gln Ser

355

360

365

gtt ttt tac tgg gaa cag gtg aca gat ggg ttt ttc att ttc aat gaa 1332

Val Phe Tyr Trp Glu Gln Val Thr Asp Gly Phe Phe Ile Phe Asn Glu

370

375

380

aga ttc aag aat ttt act ttg gtg gta ctg aac aat gtg gca gaa ttt 1380

Arg Phe Lys Asn Phe Thr Leu Val Val Leu Asn Asn Val Ala Glu Phe

385

390

395

400

gtg tgc aaa tat aaa cta tta taaaatcg

1409

Val Cys Lys Tyr Lys Leu Leu

405

<210> 97

<211> 465

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 97

Met Ala Ser Thr Thr Ser Thr Lys Lys Met Met Glu Glu Ala Thr Cys

1

5

10

15

Ser Ile Cys Leu Ser Leu Met Thr Asn Pro Val Ser Ile Asn Cys Gly

20

25

30

His Ser Tyr Cys His Leu Cys Ile Thr Asp Phe Phe Lys Asn Pro Ser

35

40

45

Gln Lys Gln Leu Arg Gln Glu Thr Phe Cys Cys Pro Gln Cys Arg Ala

50

55

60

Pro Phe His Met Asp Ser Leu Arg Pro Asn Lys Gln Leu Gly Ser Leu
65 70 75 80

Ile Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His
85 90 95

Gly Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys
100 105 110

Trp Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu
115 120 125

Val Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Glu Ala Val
130 135 140

Thr Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser
145 150 155 160

Thr Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg
165 170 175

Gln Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu
180 185 190

Glu Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr
195 200 205

Leu Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn

210	215	220
Glu Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Glu Lys Cys Gln Gly Ser		
225	230	235 240
Ala Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp		
245	250	255
Ala Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr		
260	265	270
Met Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg		
275	280	285
Ser His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu		
290	295	300
Leu Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln		
305	310	315 320
Glu Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val		
325	330	335
Leu Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp		
340	345	350
Val Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val		
355	360	365

Gln Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr

370

375

380

Leu Arg Leu Cys Lys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro

385

390

395

400

Thr Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu

405

410

415

Asp Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys

420

425

430

His Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro

435

440

445

Tyr Phe Gln Val Tyr Gln Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly

450

455

460

Asp

465

<210> 98

<211> 1940

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (477)..(1871)

<400> 98

gttaacttcc tgacctcagga agtggcagca acagagggga ctagcagcga atatacttta 60

caccaaactc cagaagattc agaacttaga tgagtggggc ccaggacagg aaccctggag 120

ccttggaagg aggggagccc catctcccca gaagagcagt gaccccagca gagagggggc 180

tggtgtatca ctggaggaaa tagcctgcc aaggaatacac gtcttcagaa gaagttctgt 240

gtggcttcaa gagactgac aaattgtgag aggaaaacag cctaccgggt cctcttttct 300

tcaatacaaa atgagataat aggggttgga aggaaaacct tcaagaccta tggaagtcag 360

ttgcagccag ctcatcacat agaggtgcag gtgaggtgta tttcatcac ggtggaaaat 420

tctggctgct tcctctccat ctctagagcc aatattggag cttttcaata aaagct atg 479

Met

1

gcc tca acc acc agc acc aag aag atg atg gag gaa gcc acc tgc tcc 527

Ala Ser Thr Thr Ser Thr Lys Lys Met Met Glu Glu Ala Thr Cys Ser

5

10

15

atc tgc ctg agc ctg atg acg aac cca gta agc atc aac tgt gga cac 575

Ile Cys Leu Ser Leu Met Thr Asn Pro Val Ser Ile Asn Cys Gly His

20

25

30

agc tac tgc cac ttg tgt ata aca gac ttc ttt aaa aac cca agc caa 623

Ser Tyr Cys His Leu Cys Ile Thr Asp Phe Phe Lys Asn Pro Ser Gln

35

40

45

aag caa ctg agg cag gag aca ttc tgc tgt ccc cag tgt cgg gct cca 671

Lys Gln Leu Arg Gln Glu Thr Phe Cys Cys Pro Gln Cys Arg Ala Pro

50

55

60

65

ttt cat atg gat agc ctc cga ccc aac aag cag ctg gga agc ctc att 719

Phe His Met Asp Ser Leu Arg Pro Asn Lys Gln Leu Gly Ser Leu Ile

70

75

80

gaa gcc ctc aaa gag acg gat caa gaa atg tca tgt gag gaa cac gga 767

Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His Gly

85

90

95

gag cag ttc cac ctg ttc tgc gaa gac gag ggg cag ctc atc tgc tgg 815

Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys Trp

100

105

110

cgc tgt gag cgg gca cca cag cac aaa ggg cac acc aca gct ctt gtt 863

Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu Val

115

120

125

gaa gac gta tgc cag ggc tac aag gaa aag ctc cag gaa gct gtg aca 911

Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Glu Ala Val Thr

130

135

140

145

aaa ctg aag caa ctt gaa gac aga tgt acg gag cag aag ctg tcc aca 959

Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser Thr

150

155

160

gca atg cga ata act aaa tgg aaa gag aag gta cag att cag aga caa 1007

Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg Gln

165

170

175

aaa atc cgg tct gac ttt aag aat ctc cag tgt ttc cta cat gag gaa 1055

Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu Glu

180

185

190

gag aag tct tat ctc tgg agg ctg gag aaa gaa gaa caa cag act ctg 1103

Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr Leu

195

200

205

agt aga ctg agg gac tat gag gct ggt ctg ggg ctg aag agc aat gaa 1151

Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn Glu

210

215

220

225

ctc aag agc cac atc ctg gaa ctg gag gaa aaa tgt cag ggc tca gcc 1199

Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Glu Lys Cys Gln Gly Ser Ala

230

235

240

cag aaa ttg ctg cag aat gtg aat gac act ttg agc agg agt tgg gct 1247

Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp Ala

245

250

255

gtg aag ctg gaa aca tca gag gct gtc tcc ttg gaa ctt cat act atg 1295

Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr Met

260

265

270

tgc aat gtt tcc aag ctt tac ttc gat gtg aag aaa atg tta agg agt 1343

Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg Ser

275

280

285

cat caa gtt agt gtg act ctg gat cca gat aca gct cat cac gaa cta 1391

His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu Leu

290

295

300

305

att ctc tct gag gat cgg aga caa gtg act cgt gga tac acc cag gag 1439

Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln Glu

310

315

320

aat cag gac aca tct tcc agg aga ttt act gcc ttc ccc tgt gtc ttg 1487

Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val Leu

325

330

335

ggc tgt gaa ggc ttc acc tca gga aga cgt tac ttt gaa gtg gat gtt 1535

Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp Val

340

345

350

ggc gaa gga acc gga tgg gat tta gga gtt tgt atg gaa aat gtg cag 1583

Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val Gln

355

360

365

agg ggc act ggc atg aag caa gag cct cag tct gga ttc tgg acc ctc 1631

Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr Leu

370

375

380

385

agg ctg tgc aaa aag aaa ggc tat gta gca ctt act tct ccc cca act 1679

Arg Leu Cys Lys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro Thr

390

395

400

tcc ctt cat ctg cat gag cag ccc ctg ctt gtg gga att ttt ctg gac 1727

Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu Asp

405

410

415

tat gag gcc gga gtt gta tcc ttt tat aac ggg aat act ggc tgc cac 1775

Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys His

420

425

430

atc ttt act ttc ccg aag gct tcc ttc tct gat act ctc cgg ccc tat 1823

Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro Tyr

435

440

445

ttc cag gtt tat caa tat tct cct ttg ttt ctg cct ccc cca ggt gac 1871

Phe Gln Val Tyr Gln Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly Asp

450

455

460

465

taaggaaaag agcagaagct ccttggttta accagcacag agaaaataat ataaatccca 1931

taagggcag

1940

<210> 99

<211> 465

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 99

Met Ala Ser Thr Thr Ser Thr Lys Lys Met Met Glu Glu Ala Thr Cys

1 5 10 15

Ser Ile Cys Leu Ser Leu Met Thr Asn Pro Val Ser Ile Asn Cys Gly

20 25 30

His Ser Tyr Cys His Leu Cys Ile Thr Asp Phe Phe Lys Asn Pro Ser

35 40 45

Gln Lys Gln Leu Arg Gln Glu Thr Phe Cys Cys Pro Gln Cys Arg Ala

50 55 60

Pro Phe His Met Asp Ser Leu Arg Pro Asn Lys Gln Leu Gly Ser Leu

65 70 75 80

Ile Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His

85 90 95

Gly Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys

100 105 110

Trp Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu

115 120 125

Val Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Lys Ala Val

130 135 140

Thr Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser
145 150 155 160

Thr Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg
165 170 175

Gln Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu
180 185 190

Glu Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr
195 200 205

Leu Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn
210 215 220

Glu Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Glu Lys Cys Gln Gly Ser
225 230 235 240

Ala Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp
245 250 255

Ala Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr
260 265 270

Met Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg
275 280 285

Ser His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu

290	295	300
Leu Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln		
305	310	315 320
Glu Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val		
	325	330 335
Leu Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp		
	340	345 350
Val Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val		
	355	360 365
Gln Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr		
	370	375 380
Leu Arg Leu Cys Lys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro		
	385	390 395 400
Thr Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu		
	405	410 415
Asp Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys		
	420	425 430
His Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro		
	435	440 445

Tyr Phe Gln Val Tyr Gln Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly

450

455

460

Asp

465

<210> 100

<211> 1940

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (477)..(1871)

<400> 100

gttaacttcc tgaccagga agtggcagca acagagggga ctagcagcga atatacttta 60

caccaaattc cagaagattc agaacttaga tgagtggggc ccaggacagg aaccctggag 120

ccttgaagg aggggagccc catctcccca gaagagcagt gacccagca gagaggggcc 180

tggtgtatca ctggaggaaa tagcctgcca aggaatacac gtcttcagaa gaagttctgt 240

gtggcttcaa gagactgac aaattgtgag aggaaaacag cctaccggt cctcttttct 300

tcaatacaaa atgagataat aggggttga aggaaaacct tcaagacct tggaagtcag 360

ttgcagccag ctcatcacat agaggtgcag gtgaggtgta ttttcacac ggtggaaaat 420

tctggctgct tcattccat ctctagagcc aatattggag cttttcaata aaagct atg 479

Met

1

gcc tca acc acc agc acc aag aag atg atg gag gaa gcc acc tgc tcc 527

Ala Ser Thr Thr Ser Thr Lys Lys Met Met Glu Glu Ala Thr Cys Ser

5

10

15

atc tgc ctg agc ctg atg acg aac cca gta agc atc aac tgt gga cac 575

Ile Cys Leu Ser Leu Met Thr Asn Pro Val Ser Ile Asn Cys Gly His

20

25

30

agc tac tgc cac ttg tgt ata aca gac ttc ttt aaa aac cca agc caa 623

Ser Tyr Cys His Leu Cys Ile Thr Asp Phe Phe Lys Asn Pro Ser Gln

35

40

45

aag caa ctg agg cag gag aca ttc tgc tgt ccc cag tgt cgg gct cca 671

Lys Gln Leu Arg Gln Glu Thr Phe Cys Cys Pro Gln Cys Arg Ala Pro

50

55

60

65

ttt cat atg gat agc ctc cga ccc aac aag cag ctg gga agc ctc att 719

Phe His Met Asp Ser Leu Arg Pro Asn Lys Gln Leu Gly Ser Leu Ile

70

75

80

gaa gcc ctc aaa gag acg gat caa gaa atg tca tgt gag gaa cac gga 767

Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His Gly

85

90

95

gag cag ttc cac ctg ttc tgc gaa gac gag ggg cag ctc atc tgc tgg 815

Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys Trp

100

105

110

cgc tgt gag cgg gca cca cag cac aaa ggg cac acc aca gct ctt gtt 863

Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu Val

115

120

125

gaa gac gta tgc cag ggc tac aag gaa aag ctc cag aaa gct gtg aca 911

Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Lys Ala Val Thr

130

135

140

145

aaa ctg aag caa ctt gaa gac aga tgt acg gag cag aag ctg tcc aca 959

Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser Thr

150

155

160

gca atg cga ata act aaa tgg aaa gag aag gta cag att cag aga caa 1007

Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg Gln

165

170

175

aaa atc cgg tct gac ttt aag aat ctc cag tgt ttc cta cat gag gaa 1055

Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu Glu

180

185

190

gag aag tct tat ctc tgg agg ctg gag aaa gaa gaa caa cag act ctg 1103

Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr Leu

195

200

205

agt aga ctg agg gac tat gag gct ggt ctg ggg ctg aag agc aat gaa 1151
 Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn Glu
 210 215 220 225

ctc aag agc cac atc ctg gaa ctg gag gaa aaa tgt cag ggc tca gcc 1199
 Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Glu Lys Cys Gln Gly Ser Ala
 230 235 240

cag aaa ttg ctg cag aat gtg aat gac act ttg agc agg agt tgg gct 1247
 Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp Ala
 245 250 255

gtg aag ctg gaa aca tca gag gct gtc tcc ttg gaa ctt cat act atg 1295
 Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr Met
 260 265 270

tgc aat gtt tcc aag ctt tac ttc gat gtg aag aaa atg tta agg agt 1343
 Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg Ser
 275 280 285

cat caa gtt agt gtg act ctg gat cca gat aca gct cat cac gaa cta 1391
 His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu Leu
 290 295 300 305

att ctc tct gag gat cgg aga caa gtg act cgt gga tac acc cag gag 1439
 Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln Glu
 310 315 320

aat cag gac aca tct tcc agg aga ttt act gcc ttc ccc tgt gtc ttg 1487

Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val Leu

325

330

335

ggt tgt gaa ggc ttc acc tca gga aga cgt tac ttt gaa gtg gat gtt 1535

Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp Val

340

345

350

ggc gaa gga acc gga tgg gat tta gga gtt tgt atg gaa aat gtg cag 1583

Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val Gln

355

360

365

agg ggc act ggc atg aag caa gag cct cag tct gga ttc tgg acc ctc 1631

Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr Leu

370

375

380

385

agg ctg tgc aaa aag aaa ggc tat gta gca ctt act tct ccc cca act 1679

Arg Leu Cys Lys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro Thr

390

395

400

tcc ctt cat ctg cat gag cag ccc ctg ctt gtg gga att ttt ctg gac 1727

Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu Asp

405

410

415

tat gag gcc gga gtt gta tcc ttt tat aac ggg aat act ggc tgc cac 1775

Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys His

420

425

430

atc ttt act ttc ccg aag gct tcc ttc tct gat act ctc cgg ccc tat 1823

Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro Tyr

435

440

445

ttc cag gtt tat caa tat tct cct ttg ttt ctg cct ccc cca ggt gac 1871

Phe Gln Val Tyr Gln Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly Asp

450

455

460

465

taaggaaaag agcagaagct ccttggttta accagcacag agaaaataat ataaatccca 1931

taagggcag

1940

<210> 101

<211> 685

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 101

Met Glu Leu Leu Arg Thr Ile Thr Tyr Gln Pro Ala Ala Ser Thr Lys

1

5

10

15

Met Cys Glu Gln Ala Leu Gly Lys Gly Cys Gly Ala Asp Ser Lys Lys

20

25

30

Lys Arg Pro Pro Gln Pro Pro Glu Glu Ser Gln Pro Pro Gln Ser Gln

35

40

45

Ala Gln Val Pro Pro Ala Ala Pro His His His His His His Ser His

50

55

60

Ser Gly Pro Glu Ile Ser Arg Ile Ile Val Asp Pro Thr Thr Gly Lys
65 70 75 80

Arg Tyr Cys Arg Gly Lys Val Leu Gly Lys Gly Gly Phe Ala Lys Cys
85 90 95

Tyr Glu Met Thr Asp Leu Thr Asn Asn Lys Val Tyr Ala Ala Lys Ile
100 105 110

Ile Pro His Ser Arg Val Ala Lys Pro His Gln Arg Glu Lys Ile Asp
115 120 125

Lys Glu Ile Glu Leu His Arg Ile Leu His His Lys His Val Val Gln
130 135 140

Phe Tyr His Tyr Phe Glu Asp Lys Glu Asn Ile Tyr Ile Leu Leu Glu
145 150 155 160

Tyr Cys Ser Arg Arg Ser Met Ala His Ile Leu Lys Ala Arg Lys Val
165 170 175

Leu Thr Glu Pro Glu Val Arg Tyr Tyr Leu Arg Gln Ile Val Ser Gly
180 185 190

Leu Lys Tyr Leu His Glu Gln Glu Ile Leu His Arg Asp Leu Lys Leu
195 200 205

Gly Asn Phe Phe Ile Asn Glu Ala Met Glu Leu Lys Val Gly Asp Phe
210 215 220

Gly Leu Ala Ala Arg Leu Glu Pro Leu Glu His Arg Arg Arg Thr Ile
225 230 235 240

Cys Gly Thr Pro Asn Tyr Leu Ser Pro Glu Val Leu Asn Lys Gln Gly
245 250 255

His Gly Cys Glu Ser Asp Ile Trp Ala Leu Gly Cys Val Met Tyr Thr
260 265 270

Met Leu Leu Gly Arg Pro Pro Phe Glu Thr Thr Asn Leu Lys Glu Thr
275 280 285

Tyr Arg Cys Ile Arg Glu Ala Arg Tyr Thr Met Pro Ser Ser Leu Leu
290 295 300

Ala Pro Ala Lys His Leu Ile Ala Ser Met Leu Ser Lys Asn Pro Glu
305 310 315 320

Asp Arg Pro Ser Leu Asp Asp Ile Ile Arg His Asp Phe Phe Leu Gln
325 330 335

Gly Phe Thr Pro Asp Arg Leu Ser Ser Ser Cys Cys His Thr Val Pro
340 345 350

Asp Phe His Leu Ser Ser Pro Ala Lys Asn Phe Phe Lys Lys Ala Ala
355 360 365

Ala Ala Leu Phe Gly Gly Lys Lys Asp Lys Ala Arg Tyr Ile Asp Thr

370

375

380

His Asn Arg Val Ser Lys Glu Asp Glu Asp Ile Tyr Lys Leu Arg His

385

390

395

400

Asp Leu Lys Lys Thr Ser Ile Thr Gln Gln Pro Ser Lys His Arg Thr

405

410

415

Asp Glu Glu Leu Gln Pro Pro Thr Thr Thr Val Ala Arg Ser Gly Thr

420

425

430

Pro Ala Val Glu Asn Lys Gln Gln Ile Gly Asp Ala Ile Arg Met Ile

435

440

445

Val Arg Gly Thr Leu Gly Ser Cys Ser Ser Ser Ser Glu Cys Leu Glu

450

455

460

Asp Ser Thr Met Gly Ser Val Ala Asp Thr Val Ala Arg Val Leu Arg

465

470

475

480

Gly Cys Leu Glu Asn Met Pro Glu Ala Asp Cys Ile Pro Lys Glu Gln

485

490

495

Leu Ser Thr Ser Phe Gln Trp Val Thr Lys Trp Val Asp Tyr Ser Asn

500

505

510

Lys Tyr Gly Phe Gly Tyr Gln Leu Ser Asp His Thr Val Gly Val Leu

515

520

525

Phe Asn Asn Gly Ala His Met Ser Leu Leu Pro Asp Lys Lys Thr Val
530 535 540

His Tyr Tyr Ala Glu Leu Gly Gln Cys Ser Val Phe Pro Ala Thr Asp
545 550 555 560

Ala Pro Glu Gln Phe Ile Ser Gln Val Thr Val Leu Lys Tyr Phe Ser
565 570 575

His Tyr Met Glu Glu Asn Leu Met Asp Gly Gly Asp Leu Pro Ser Val
580 585 590

Thr Asp Ile Arg Arg Pro Arg Leu Tyr Leu Leu Gln Trp Leu Lys Ser
595 600 605

Asp Lys Ala Leu Met Met Leu Phe Asn Asp Gly Thr Phe Gln Val Asn
610 615 620

Phe Tyr His Asp His Thr Lys Ile Ile Ile Cys Ser Gln Asn Glu Glu
625 630 635 640

Tyr Leu Leu Thr Tyr Ile Asn Glu Asp Arg Ile Ser Thr Thr Phe Arg
645 650 655

Leu Thr Thr Leu Leu Met Ser Gly Cys Ser Ser Glu Leu Lys Asn Arg
660 665 670

Met Glu Tyr Ala Leu Asn Met Leu Leu Gln Arg Cys Asn
675 680 685

<210> 102

<211> 2783

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (128)..(2182)

<400> 102

gcacaagtgg accggggtgt tgggtgctag tcggcaccag aggcaagggt gcgaggacca 60

cggccggctc ggacgtgtga ccgcgcctag ggggtggcag cgggcagtc ggggcggcaa 120

ggcgacc atg gag ctt ttg cgg act atc acc tac cag cca gcc gcc agc 169

Met Glu Leu Leu Arg Thr Ile Thr Tyr Gln Pro Ala Ala Ser

1

5

10

acc aaa atg tgc gag cag gcg ctg ggc aag ggt tgc gga gca gac tcg 217

Thr Lys Met Cys Glu Gln Ala Leu Gly Lys Gly Cys Gly Ala Asp Ser

15

20

25

30

aag aag aag cgg ccg ccg cag ccc ccc gag gaa tcg cag cca cct cag 265

Lys Lys Lys Arg Pro Pro Gln Pro Pro Glu Glu Ser Gln Pro Pro Gln

35

40

45

tcc cag gcg caa gtg ccc ccg gcg gcc cct cac cac cat cac cac cat 313

Ser Gln Ala Gln Val Pro Pro Ala Ala Pro His His His His His His

50

55

60

tcg cac tcg ggg ccg gag atc tcg cgg att atc gtc gac ccc acg act 361

Ser His Ser Gly Pro Glu Ile Ser Arg Ile Ile Val Asp Pro Thr Thr

65

70

75

ggg aag cgc tac tgc cgg ggc aaa gtg ctg gga aag ggt ggc ttt gca 409

Gly Lys Arg Tyr Cys Arg Gly Lys Val Leu Gly Lys Gly Gly Phe Ala

80

85

90

aaa tgt tac gag atg aca gat ttg aca aat aac aaa gtc tac gcc gca 457

Lys Cys Tyr Glu Met Thr Asp Leu Thr Asn Asn Lys Val Tyr Ala Ala

95

100

105

110

aaa att att cct cac agc aga gta gct aaa cct cat caa agg gaa aag 505

Lys Ile Ile Pro His Ser Arg Val Ala Lys Pro His Gln Arg Glu Lys

115

120

125

att gac aaa gaa ata gag ctt cac aga att ctt cat cat aag cat gta 553

Ile Asp Lys Glu Ile Glu Leu His Arg Ile Leu His His Lys His Val

130

135

140

gtg cag ttt tac cac tac ttc gag gac aaa gaa aac att tac att ctc 601

Val Gln Phe Tyr His Tyr Phe Glu Asp Lys Glu Asn Ile Tyr Ile Leu

145

150

155

ttg gaa tac tgc agt aga agg tca atg gct cat att ttg aaa gca aga 649

Leu Glu Tyr Cys Ser Arg Arg Ser Met Ala His Ile Leu Lys Ala Arg

160

165

170

aag gtg ttg aca gag cca gaa gtt cga tac tac ctc agg cag att gtg 697

Lys Val Leu Thr Glu Pro Glu Val Arg Tyr Tyr Leu Arg Gln Ile Val

175

180

185

190

tct gga ctg aaa tac ctt cat gaa caa gaa atc ttg cac aga gat ctc 745

Ser Gly Leu Lys Tyr Leu His Glu Gln Glu Ile Leu His Arg Asp Leu

195

200

205

aaa cta ggg aac ttt ttt att aat gaa gcc atg gaa cta aaa gtt ggg 793

Lys Leu Gly Asn Phe Phe Ile Asn Glu Ala Met Glu Leu Lys Val Gly

210

215

220

gac ttc ggt ctg gca gcc agg cta gaa ccc ttg gaa cac aga agg aga 841

Asp Phe Gly Leu Ala Ala Arg Leu Glu Pro Leu Glu His Arg Arg Arg

225

230

235

acg ata tgt ggt acc cca aat tat ctc tct cct gaa gtc ctc aac aaa 889

Thr Ile Cys Gly Thr Pro Asn Tyr Leu Ser Pro Glu Val Leu Asn Lys

240

245

250

caa gga cat ggc tgt gaa tca gac att tgg gcc ctg ggc tgt gta atg 937

Gln Gly His Gly Cys Glu Ser Asp Ile Trp Ala Leu Gly Cys Val Met

255

260

265

270

tat aca atg tta cta ggg agg ccc cca ttt gaa act aca aat ctc aaa 985

Tyr Thr Met Leu Leu Gly Arg Pro Pro Phe Glu Thr Thr Asn Leu Lys

275

280

285

gaa act tat agg tgc ata agg gaa gca agg tat aca atg ccg tcc tca 1033

Glu Thr Tyr Arg Cys Ile Arg Glu Ala Arg Tyr Thr Met Pro Ser Ser

290

295

300

ttg ctg gct cct gcc aag cac tta att gct agt atg ttg tcc aaa aac 1081

Leu Leu Ala Pro Ala Lys His Leu Ile Ala Ser Met Leu Ser Lys Asn

305

310

315

cca gag gat cgt ccc agt ttg gat gac atc att cga cat gac ttt ttt 1129

Pro Glu Asp Arg Pro Ser Leu Asp Asp Ile Ile Arg His Asp Phe Phe

320

325

330

ttg cag ggc ttc act ccg gac aga ctg tct tct agc tgt tgt cat aca 1177

Leu Gln Gly Phe Thr Pro Asp Arg Leu Ser Ser Ser Cys Cys His Thr

335

340

345

350

gtt cca gat ttc cac tta tca agc cca gct aag aat ttc ttt aag aaa 1225

Val Pro Asp Phe His Leu Ser Ser Pro Ala Lys Asn Phe Phe Lys Lys

355

360

365

gca gct gct gct ctt ttt ggt ggc aaa aaa gac aaa gca aga tat att 1273

Ala Ala Ala Ala Leu Phe Gly Gly Lys Lys Asp Lys Ala Arg Tyr Ile

370

375

380

gac aca cat aat aga gtg tct aaa gaa gat gaa gac atc tac aag ctt 1321

Asp Thr His Asn Arg Val Ser Lys Glu Asp Glu Asp Ile Tyr Lys Leu

385

390

395

agg cat gat ttg aaa aag act tca ata act cag caa ccc agc aaa cac 1369

Arg His Asp Leu Lys Lys Thr Ser Ile Thr Gln Gln Pro Ser Lys His

400

405

410

agg aca gat gag gag ctc cag cca cct acc acc aca gtt gcc agg tct 1417

Arg Thr Asp Glu Glu Leu Gln Pro Pro Thr Thr Thr Val Ala Arg Ser

415

420

425

430

gga aca ccc gca gta gaa aac aag cag cag att ggg gat gct att cgg 1465

Gly Thr Pro Ala Val Glu Asn Lys Gln Gln Ile Gly Asp Ala Ile Arg

435

440

445

atg ata gtc aga ggg act ctt ggc agc tgt agc agc agc agt gaa tgc 1513

Met Ile Val Arg Gly Thr Leu Gly Ser Cys Ser Ser Ser Ser Glu Cys

450

455

460

ctt gaa gac agt acc atg gga agt gtt gca gac aca gtg gca agg gtt 1561

Leu Glu Asp Ser Thr Met Gly Ser Val Ala Asp Thr Val Ala Arg Val

465

470

475

ctt cgg gga tgt ctg gaa aac atg ccg gaa gct gat tgc att ccc aaa 1609

Leu Arg Gly Cys Leu Glu Asn Met Pro Glu Ala Asp Cys Ile Pro Lys

480

485

490

gag cag ctg agc aca tca ttt cag tgg gtc acc aaa tgg gtt gat tac 1657

Glu Gln Leu Ser Thr Ser Phe Gln Trp Val Thr Lys Trp Val Asp Tyr

495

500

505

510

tct aac aaa tat ggc ttt ggg tac cag ctc tca gac cac acc gtc ggt 1705

Ser Asn Lys Tyr Gly Phe Gly Tyr Gln Leu Ser Asp His Thr Val Gly

515

520

525

gtc ctt ttc aac aat ggt gct cac atg agc ctc ctt cca gac aaa aaa 1753

Val Leu Phe Asn Asn Gly Ala His Met Ser Leu Leu Pro Asp Lys Lys

530

535

540

aca gtt cac tat tac gca gag ctt ggc caa tgc tca gtt ttc cca gca 1801

Thr Val His Tyr Tyr Ala Glu Leu Gly Gln Cys Ser Val Phe Pro Ala

545

550

555

aca gat gct cct gag caa ttt att agt caa gtg acg gtg ctg aaa tac 1849

Thr Asp Ala Pro Glu Gln Phe Ile Ser Gln Val Thr Val Leu Lys Tyr

560

565

570

ttt tct cat tac atg gag gag aac ctc atg gat ggt gga gat ctg cct 1897

Phe Ser His Tyr Met Glu Glu Asn Leu Met Asp Gly Gly Asp Leu Pro

575

580

585

590

agt gtt act gat att cga aga cct cgg ctc tac ctc ctt cag tgg cta 1945

Ser Val Thr Asp Ile Arg Arg Pro Arg Leu Tyr Leu Leu Gln Trp Leu

595

600

605

aaa tct gat aag gcc cta atg atg ctc ttt aat gat ggc acc ttt cag 1993

Lys Ser Asp Lys Ala Leu Met Met Leu Phe Asn Asp Gly Thr Phe Gln

610

615

620

gtg aat ttc tac cat gat cat aca aaa atc atc atc tgt agc caa aat 2041

Val Asn Phe Tyr His Asp His Thr Lys Ile Ile Ile Cys Ser Gln Asn

625	630	635	
gaa gaa tac ctt ctc acc tac atc aat gag gat agg ata tct aca act 2089			
Glu Glu Tyr Leu Leu Thr Tyr Ile Asn Glu Asp Arg Ile Ser Thr Thr			
640	645	650	
ttc agg ctg aca act ctg ctg atg tct ggc tgt tca tca gaa tta aaa 2137			
Phe Arg Leu Thr Thr Leu Leu Met Ser Gly Cys Ser Ser Glu Leu Lys			
655	660	665	670
aat cga atg gaa tat gcc ctg aac atg ctc tta caa aga tgt aac 2182			
Asn Arg Met Glu Tyr Ala Leu Asn Met Leu Leu Gln Arg Cys Asn			
675	680	685	
tgaaagactt ttcgaatgga ccctatggga ctctctttt ccactgtgag atctacaggg 2242			
aaccctaaag aatgatctag agtatgttga agaagatgga catgtggtgg tacgaaaaca 2302			
attccccctgt ggcctgctgg actgggtgga accagaacag gctaaggcat acagttcttg 2362			
actttggaca atccaagagt gaaccagaat gcagttttcc ttgagatacc tgttttaaaa 2422			
ggtttttcag acaattttgc agaaaggtgc attgattctt aaattctctc tgttgagagc 2482			
atttcagcca gaggactttg gaactgtgaa tatacttcct gaaggggagg gagaaggagg 2542			
gaagctccca tgttgtttta aggctgtaat tggagcagct tttggctgcg taactgtgaa 2602			
ctatggccat atataatttt ttttcattaa ttttgaaga tacttgtggc tggaaaagt 2662			

cattccttgt taataaactt tttatttatt acagcccaaa gagcagtatt tattatcaaa 2722

atgtcttttt ttttatgttg accattttta accgttggca ataaagagta tgaaaacgca 2782

g 2783

<210> 103

<211> 161

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 103

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser Ser Ala

1 5 10 15

Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn Ser Tyr

20 25 30

Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val

35 40 45

Thr Gly Pro Asp Gly Lys Gly Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr Thr Gln

50 55 60

Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr Val Tyr

65 70 75 80

Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Ile Gln Met Cys Cys

85

90

95

Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn Ala Gly

100

105

110

Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Leu Gly Cys Ile

115

120

125

Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln Asp Val

130

135

140

Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr Lys Arg

145

150

155

160

Leu

<210> 104

<211> 1589

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(552)

<400> 104

ccttttctcg gggcgcccga aggccagctc agacctcccg gctcgacagg cggcgcgggc 60

ggcggtaaa atg tcg gtt cca gga cct tac cag gcg gcc act ggg cct tcc 111

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser

1

5

10

tca gca cca tcc gca cct cca tcc tat gaa gag aca gtg gct gtt aac 159

Ser Ala Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn

15

20

25

30

agt tat tac ccc aca cct cca gct ccc atg cct ggg cca act acg ggg 207

Ser Tyr Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly

35

40

45

ctt gtg acg ggg cct gat ggg aag ggc atg aat cct cct tcg tat tat 255

Leu Val Thr Gly Pro Asp Gly Lys Gly Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr

50

55

60

acc cag cca gcg ccc atc ccc aat aac aat cca att acc gtg cag acg 303

Thr Gln Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr

65

70

75

gtc tac gtg cag cac ccc atc acc ttt ttg gac cgc cct atc caa atg 351

Val Tyr Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Ile Gln Met

80

85

90

tgt tgt cct tcc tgc aac aag atg atc gtg agt cag ctg tcc tat aac 399

Cys Cys Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn

95

100

105

110

gcc ggt gct ctg acc tgg ctg tcc tgc ggg agc ctg tgc ctg ctg ggg 447

Ala Gly Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Leu Gly

115

120

125

tgc ata gcg ggc tgc tgc ttc atc ccc ttc tgc gtg gat gcc ctg cag 495

Cys Ile Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln

130

135

140

gac gtg gac cat tac tgt ccc aac tgc aga gct ctc ctg ggc acc tac 543

Asp Val Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr

145

150

155

aag cgt ttg taggactcag ccagacgtgg agggagccgg gtgccgcagg 592

Lys Arg Leu

160

aagtcctttc cacctctcat ccagcttcac gcctgggtgga gggtctgccc tgggtggtctc 652

acctctccag ggggcccacc ttcattgtctt cttttggggg gaatacgtcg caaaactaac 712

aaatctccaa accccagaaa ttgctgcttg gactcgtgca taggacttgc aaagacattc 772

cccttgagtg tcagttccac gggttctctgc ctccctgaga ccctgagtcc tgccatctaa 832

ctgtgatcat tgccctatcc gaatatcttc ctgtgatctg ccatcagtgg ctcttttttc 892

ctgcttccat gggcctttct ggtggcagtc tcaaactgag aagccacagt tgccttattt 952

ttgaggctgt tctgcccaga gctcggctga accagccttt agtgcctacc attatcttat 1012

ccgtctcttc ccgtccctga tgacaaagat cttgccttac agactttaca ggcttggctt 1072

tgagattctg taactgcaga cttcattagc acacagattc actttaattt ctttaattttt 1132

tttttaaata caaggagggg gctattaaca cccagtagag acatatccac aaggtcgtaa 1192

atgcatgcta gaaaaatagg gctggatctt atcactgccc tgtctcccct tgtttctctg 1252

tgccagatct tcagtgcctc ttccataca gggatttttt tctcatagag taattatatg 1312

aacagttttt atgacctcct ttgtgtctga aatactttcg aacagaattt ctttttttta 1372

aaaaaaaaa gagatggggg cttactatgt tgcccaggct ggtgtcgaac tcctgggctc 1432

aagcgatcct tctgccttgg cctcccgaag tgctgggatt gcaggcataa gctaccatgc 1492

tgggcctgaa cataatttca agaggaggat ttataaaacc attttctgta atcaaatgat 1552

tggtgtcatt ttccatttg ccaatgtagt ctcactt 1589

<210> 105

<211> 161

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 105

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser Ser Ala

1 5 10 15

Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn Ser Tyr

20 25 30

Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val

35 40 45

Thr Gly Pro Asp Gly Lys Gly Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr Thr Gln

50 55 60

Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr Val Tyr

65 70 75 80

Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Val Gln Met Cys Cys

85 90 95

Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn Ala Gly

100 105 110

Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Leu Gly Cys Ile

115 120 125

Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln Asp Val

130 135 140

Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr Lys Arg

145 150 155 160

Leu

<210> 106

<211> 1589

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(552)

<400> 106

ccttttctcg gggcgcccga aggccagctc agacctcccg gctcgacagg cggcgcgggc 60

ggcggtaaa atg tcg gtt cca gga cct tac cag gcg gcc act ggg cct tcc 111

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser

1

5

10

tca gca cca tcc gca cct cca tcc tat gaa gag aca gtg gct gtt aac 159

Ser Ala Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn

15

20

25

30

agt tat tac ccc aca cct cca gct ccc atg cct ggg cca act acg ggg 207

Ser Tyr Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly

35

40

45

ctt gtg acg ggg cct gat ggg aag ggc atg aat cct cct tcg tat tat 255
 Leu Val Thr Gly Pro Asp Gly Lys Gly Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr
 50 55 60

acc cag cca gcg ccc atc ccc aat aac aat cca att acc gtg cag acg 303
 Thr Gln Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr
 65 70 75

gtc tac gtg cag cac ccc atc acc ttt ttg gac cgc cct gtc caa atg 351
 Val Tyr Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Val Gln Met
 80 85 90

tgt tgt cct tcc tgc aac aag atg atc gtg agt cag ctg tcc tat aac 399
 Cys Cys Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn
 95 100 105 110

gcc ggt gct ctg acc tgg ctg tcc tgc ggg agc ctg tgc ctg ctg ggg 447
 Ala Gly Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Leu Gly
 115 120 125

tgc ata gcg ggc tgc tgc ttc atc ccc ttc tgc gtg gat gcc ctg cag 495
 Cys Ile Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln
 130 135 140

gac gtg gac cat tac tgt ccc aac tgc aga gct ctc ctg ggc acc tac 543
 Asp Val Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr
 145 150 155

aag cgt ttg taggactcag ccagacgtgg agggagccgg gtgccgcagg 592

Lys Arg Leu

160

aagtcctttc caccctcat ccagcttcac gcctggtgga ggttctgcc tggtggtctc 652

acctctccag ggggccacc ttcattgtt cttttgggg gaatacgtcg caaaactaac 712

aaatctccaa accccagaaa ttgctgcttg gagtcgtgca taggacttgc aaagacattc 772

cccttgagtgc tcagttccac ggtttcctgc ctccctgaga ccctgagtcc tgccatctaa 832

ctgtgatcat tgccctatcc gaatatcttc ctgtgatctg ccatcagtgg ctcttttttc 892

ctgcttccat gggcctttct ggtggcagtc tcaaactgag aagccacagt tgccttattt 952

ttgaggctgt tctgccaga gctcggctga accagccttt agtgcctacc attatcttat 1012

ccgtctcttc ccgtccctga tgacaaagat cttgccttac agactttaca ggcttggett 1072

tgagattctg taactgcaga cttcattagc acacagattc actttaattt ctttaatttt 1132

tttttaaata caaggagggg gctattaaca ccagtagag acatatccac aaggctgtaa 1192

atgcatgcta gaaaaatagg gctggatctt atcactgcc tgtctccct tgtttctctg 1252

tgccagatct tcagtgcacc ttccataca gggatttttt tctcatagag taattatatg 1312

aacagttttt atgacctct tttggtctga aatactttcg aacagaattt ctttttttta 1372

aaaaaaaaca gagatggggt cttactatgt tgcccaggct ggtgtcgaac tcctgggctc 1432

aagcgatcct tctgccttgg cctcccgaag tgctgggatt gcaggcataa gctaccatgc 1492

tgggcctgaa cataatttca agaggaggat ttataaaacc attttctgta atcaaagat 1552

tggtgtcatt ttcccatgtg ccaatgtagt ctcactt 1589

<210> 107

<211> 249

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 107

Met Ala Ser Ala Ser Gly Ala Met Ala Lys His Glu Gln Ile Leu Val

1 5 10 15

Leu Asp Pro Pro Thr Asp Leu Lys Phe Lys Gly Pro Phe Thr Asp Val

20 25 30

Val Thr Thr Asn Leu Lys Leu Arg Asn Pro Ser Asp Arg Lys Val Cys

35 40 45

Phe Lys Val Lys Thr Thr Ala Pro Arg Arg Tyr Cys Val Arg Pro Asn

50 55 60

Ser Gly Ile Ile Asp Pro Gly Ser Thr Val Thr Val Ser Val Met Leu

65 70 75 80

Gln Pro Phe Asp Tyr Asp Pro Asn Glu Lys Ser Lys His Lys Phe Met
85 90 95

Val Gln Thr Ile Phe Ala Pro Pro Asn Thr Ser Asp Met Glu Ala Val
100 105 110

Trp Lys Glu Ala Lys Pro Asp Glu Leu Met Asp Ser Lys Leu Arg Cys
115 120 125

Val Phe Glu Met Pro Asn Glu Asn Asp Lys Leu Asn Asp Met Glu Pro
130 135 140

Ser Lys Ala Val Pro Leu Asn Ala Ser Lys Gln Asp Gly Pro Met Pro
145 150 155 160

Lys Pro His Ser Val Ser Leu Asn Asp Thr Glu Thr Arg Lys Leu Met
165 170 175

Glu Glu Cys Lys Arg Leu Gln Gly Glu Met Met Lys Leu Ser Glu Glu
180 185 190

Asn Arg His Leu Arg Asp Glu Gly Leu Arg Leu Arg Lys Val Ala His
195 200 205

Ser Asp Lys Pro Gly Ser Thr Ser Thr Ala Ser Phe Arg Asp Asn Val
210 215 220

Thr Ser Pro Leu Pro Ser Leu Leu Val Val Ile Ala Ala Ile Phe Ile

225 230 235 240

Gly Phe Phe Leu Gly Lys Phe Ile Leu

245

<210> 108

<211> 1595

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (232)..(978)

<400> 108

agtgcgcgtg gccgtggcgg ctggtgtggg gttgagtcag ttgtgggacc cggagctgct 60

gacccagcgg gtggcccacc gaaccggtga cacagcggca ggcgttaggg ctcgggagcc 120

gcgagcctgg cctcgtccta gagctcggcc gagccgtcgc cgccgtcgtc ccccgcccc 180

agtcagcaaa ccgccgccgc gggcgcgccc ccgctctgcg ctgtctctcc g atg gcg 237

Met Ala

1

tcc gcc tca ggg gcc atg gcg aag cac gag cag atc ctg gtc ctc gat 285

Ser Ala Ser Gly Ala Met Ala Lys His Glu Gln Ile Leu Val Leu Asp

5

10

15

ccg ccc aca gac ctc aaa ttc aaa ggc ccc ttc aca gat gta gtc act 333
 Pro Pro Thr Asp Leu Lys Phe Lys Gly Pro Phe Thr Asp Val Val Thr
 20 25 30

aca aat ctt aaa ttg cga aat cca tcg gat aga aaa gtg tgt ttc aaa 381
 Thr Asn Leu Lys Leu Arg Asn Pro Ser Asp Arg Lys Val Cys Phe Lys
 35 40 45 50

gtg aag act aca gca cct cgc cgg tac tgt gtg agg ccc aac agt gga 429
 Val Lys Thr Thr Ala Pro Arg Arg Tyr Cys Val Arg Pro Asn Ser Gly
 55 60 65

att att gac cca ggg tca act gtg act gtt tca gta atg cta cag ccc 477
 Ile Ile Asp Pro Gly Ser Thr Val Thr Val Ser Val Met Leu Gln Pro
 70 75 80

ttt gac tat gat ccg aat gaa aag agt aaa cac aag ttt atg gta cag 525
 Phe Asp Tyr Asp Pro Asn Glu Lys Ser Lys His Lys Phe Met Val Gln
 85 90 95

aca att ttt gct cca cca aac act tca gat atg gaa gct gtg tgg aaa 573
 Thr Ile Phe Ala Pro Pro Asn Thr Ser Asp Met Glu Ala Val Trp Lys
 100 105 110

gag gca aaa cct gat gaa tta atg gat tcc aaa ttg aga tgc gta ttt 621
 Glu Ala Lys Pro Asp Glu Leu Met Asp Ser Lys Leu Arg Cys Val Phe
 115 120 125 130

gaa atg ccc aat gaa aat gat aaa ttg aat gat atg gaa cct agc aaa 669

Glu Met Pro Asn Glu Asn Asp Lys Leu Asn Asp Met Glu Pro Ser Lys

135

140

145

gct gtt cca ctg aat gca tct aag caa gat gga cct atg cca aaa cca 717

Ala Val Pro Leu Asn Ala Ser Lys Gln Asp Gly Pro Met Pro Lys Pro

150

155

160

cac agt gtt tca ctt aat gat acc gaa aca agg aaa cta atg gaa gag 765

His Ser Val Ser Leu Asn Asp Thr Glu Thr Arg Lys Leu Met Glu Glu

165

170

175

tgt aaa aga ctt cag gga gaa atg atg aag cta tca gaa gaa aat cgg 813

Cys Lys Arg Leu Gln Gly Glu Met Met Lys Leu Ser Glu Glu Asn Arg

180

185

190

cac ctg aga gat gaa ggt tta agg ctc aga aag gta gca cat tcg gat 861

His Leu Arg Asp Glu Gly Leu Arg Leu Arg Lys Val Ala His Ser Asp

195

200

205

210

aaa cct gga tca acc tca act gca tcc ttc aga gat aat gtc acc agt 909

Lys Pro Gly Ser Thr Ser Thr Ala Ser Phe Arg Asp Asn Val Thr Ser

215

220

225

cct ctt cct tca ctt ctt gtt gta att gca gcc att ttc att gga ttc 957

Pro Leu Pro Ser Leu Leu Val Val Ile Ala Ala Ile Phe Ile Gly Phe

230

235

240

ttt cta ggg aaa ttc atc ttg tagagtgaag catgcagagt gctgtttctt 1008

Phe Leu Gly Lys Phe Ile Leu

245

tttttttttt tctcttgacc agaaaaagat ttgtttacct accatttcat tggtagtatg 1068

gcccacggtg accatttttt tgtgtgtaca gcgtcatata ggctttgcct ttaatgatct 1128

cttacggtta gaaaacacaa taaaaacaaa ctgttcggct actggacagg ttgtatatta 1188

ccagatcatc actagcagat gtcagttgca cattgagtcc tttatgaaat tcataaataa 1248

agaattgttc tttctttgtg gttttaataa gaggtaaga attgttcaga gtcttgtaaa 1308

tggtatttta ataatccctt taaattttat ctgttgctgt tacctcttga aatatgattt 1368

atttagattg ctaatccac tcattcagga aatgccaaga ggtattcctt ggggaaatgg 1428

tgcctcttac agtgtaaatt tttctcctt tacctttgct aatatcatgg cagaattttt 1488

cttatccctt gtgaggcagt tgttgactga gtttttcatc cttacaatcc tgtcccatgg 1548

tatttaacat aaaaaaaaaat aaaactgtta acagattcctt gctcgat 1595

<210> 109

<211> 540

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 109

Met Gly Thr Thr Ala Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val

1

5

10

15

Ala Ser Ala Ala Ser Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln

20

25

30

Leu Arg Pro Glu His Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser

35

40

45

Pro Pro Leu Ser Arg Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln

50

55

60

His Gly Pro Pro Phe Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser

65

70

75

80

Gln Glu Ala Thr Pro Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu

85

90

95

Pro Ala Glu Lys Glu Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro

100

105

110

Leu Gln Lys Glu Leu Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu

115

120

125

Gly Thr Pro Ala Pro Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser

130

135

140

Trp Asn Ala Ala Gln His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp

145 150 155 160

Gly His Arg Leu Asp Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn

165 170 175

Leu Asn Gln Ile Cys Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro

180 185 190

Trp Asn Leu Pro Gln Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu

195 200 205

Thr Leu Asn Phe Leu Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg

210 215 220

Ser His Thr Asn Arg Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala

225 230 235 240

Met Ser Arg Phe Cys Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His

245 250 255

Trp Cys Cys Thr Arg Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu

260 265 270

Glu Ala Pro Gln Pro His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln

275 280 285

Pro Asp Ile Ser Ser Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro

290 295 300

Thr Leu Asp Asn Ile Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser
 305 310 315 320

Val Pro Arg Asn Leu Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu
 325 330 335

Ala Leu Ile Gln Leu Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly
 340 345 350

Asn Asn His Thr Cys Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys
 355 360 365

Tyr Cys Asp Arg Glu Tyr Ala Val Lys Thr His His His Leu Cys Cys
 370 375 380

Arg His Pro Pro Ser Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala
 385 390 395 400

Pro Tyr Pro Asn Tyr Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Gly Arg
 405 410 415

Val Thr Pro Asn Leu Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu
 420 425 430

Thr Lys His Lys His Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg
 435 440 445

Cys Cys Asp Leu Pro Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu
 450 455 460

Lys Leu Thr Phe Ile Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp
465 470 475 480

Arg Asp Pro Ala Leu Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val
485 490 495

Asn Cys Phe Asn Ile Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly
500 505 510

Asp Thr Glu Asn Ala Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly
515 520 525

Thr Asn Ile Ser Ser Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu
530 535 540

<210> 110

<211> 1810

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (102)..(1721)

<400> 110

aaccgtaaca gccaccagac aagcttcagt ggccggccct tcacatccag acttgccctga 60

gaggacccac ctctgagtgt ccagtgggtca gttgccccag g atg ggg acc aca gcc 116

Met Gly Thr Thr Ala

1

5

aga gca gcc ttg gtc ttg acc tat ttg gct gtt gct tct gct gcc tct 164

Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val Ala Ser Ala Ala Ser

10

15

20

gag gga ggc ttc acg gct aca gga cag agg cag ctg agg cca gag cac 212

Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln Leu Arg Pro Glu His

25

30

35

ttt caa gaa gtt ggc tac gca gct ccc ccc tcc cca ccc cta tcc cga 260

Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser Pro Pro Leu Ser Arg

40

45

50

agc ctc ccc atg gat cac cct gac tcc tct cag cat ggc cct ccc ttt 308

Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln His Gly Pro Pro Phe

55

60

65

gag gga cag agt caa gtg cag ccc cct ccc tct cag gag gcc acc cct 356

Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser Gln Glu Ala Thr Pro

70

75

80

85

ctc caa cag gaa aag ctg cta cct gcc caa ctc cct gct gaa aag gaa 404

Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu Pro Ala Glu Lys Glu

90

95

100

gtg ggt ccc cct ctc cct cag gaa gct gtc ccc ctc caa aaa gag ctg 452

Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro Leu Gln Lys Glu Leu

105

110

115

ccc tct ctc cag cac ccc aat gaa cag aag gaa gga acg cca gct cca 500

Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu Gly Thr Pro Ala Pro

120

125

130

ttt ggg gac cag agc cat cca gaa cct gag tcc tgg aat gca gcc cag 548

Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser Trp Asn Ala Ala Gln

135

140

145

cac tgc caa cag gac cgg tcc caa ggg ggc tgg ggc cac cgg ctg gat 596

His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp Gly His Arg Leu Asp

150

155

160

165

ggc ttc ccc cct ggg cgg cct tct cca gac aat ctg aac caa atc tgc 644

Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn Leu Asn Gln Ile Cys

170

175

180

ctt cct aac cgt cag cat gtg gta tat ggt ccc tgg aac cta cca cag 692

Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro Trp Asn Leu Pro Gln

185

190

195

tcc agc tac tcc cac ctc act cgc cag ggt gag acc ctc aat ttc ctg 740

Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu Thr Leu Asn Phe Leu

200

205

210

gag att gga tat tcc cgc tgc tgc cac tgc cgc agc cac aca aac cgc 788

Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg Ser His Thr Asn Arg

215

220

225

cta gag tgt gcc aaa ctt gtg tgg gag gaa gca atg agc cga ttc tgt 836

Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala Met Ser Arg Phe Cys

230

235

240

245

gag gcc gag ttc tcg gtc aag acc cga ccc cac tgg tgc tgc acg cgg 884

Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His Trp Cys Cys Thr Arg

250

255

260

cag ggg gag gct cgg ttc tcc tgc ttc cag gag gaa gct ccc cag cca 932

Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu Glu Ala Pro Gln Pro

265

270

275

cac tac cag ctc cgg gcc tgc ccc agc cat cag cct gat att tcc tcg 980

His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln Pro Asp Ile Ser Ser

280

285

290

ggt ctt gag ctg cct ttc cct cct ggg gtg ccc aca ttg gac aat atc 1028

Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro Thr Leu Asp Asn Ile

295

300

305

aag aac atc tgc cac ctg agg cgc ttc cgc tct gtg cca cgc aac ctg 1076

Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser Val Pro Arg Asn Leu

310

315

320

325

cca gct act gac ccc cta caa agg gag ctg ctg gca ctg atc cag ctg 1124

Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu Ala Leu Ile Gln Leu

330

335

340

gag agg gag ttc cag cgc tgc tgc cgc cag ggg aac aat cac acc tgt 1172

Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly Asn Asn His Thr Cys

345

350

355

aca tgg aag gcc tgg gag gat acc ctt gac aaa tac tgt gac cgg gag 1220

Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys Tyr Cys Asp Arg Glu

360

365

370

tat gct gtg aag acc cac cac cac ttg tgt tgc cgc cac cct ccc agc 1268

Tyr Ala Val Lys Thr His His His Leu Cys Cys Arg His Pro Pro Ser

375

380

385

cct act cgg gat gag tgc ttt gcc cgt cgg gct cct tac ccc aac tat 1316

Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala Pro Tyr Pro Asn Tyr

390

395

400

405

gac cgg gac atc ttg acc att gac atc ggt cga gtc acc ccc aac ctc 1364

Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Gly Arg Val Thr Pro Asn Leu

410

415

420

atg ggc cac ctc tgt gga aac caa aga gtt ctc acc aag cat aaa cat 1412

Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu Thr Lys His Lys His

425

430

435

att cct ggg ctg atc cac aac atg act gcc cgc tgc tgt gac ctg cca 1460

Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg Cys Cys Asp Leu Pro

440

445

450

ttt cca gaa cag gcc tgc tgt gca gag gag gag aaa tta acc ttc atc 1508

Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu Lys Leu Thr Phe Ile

455

460

465

aat gat ctg tgt ggt ccc cga cgt aac atc tgg cga gac cct gcc ctc 1556

Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp Arg Asp Pro Ala Leu

470

475

480

485

tgc tgt tac ctg agt cct ggg gat gaa cag gtc aac tgc ttc aac atc 1604

Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val Asn Cys Phe Asn Ile

490

495

500

aat tat ctg agg aac gtg gct cta gtg tct gga gac act gag aac gcc 1652

Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly Asp Thr Glu Asn Ala

505

510

515

aag ggc cag ggg gag cag ggc tca act gga gga aca aat atc agc tcc 1700

Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly Thr Asn Ile Ser Ser

520

525

530

acc tct gag ccc aag gaa gaa tgagtcaccc cagagcccta gagggtcaga 1751

Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu

535

540

tggggggaac cccaccctgc cccaccctatc tgaacactca ttacactaaa cacctcttg 1810

<210> 111

<211> 540

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 111

Met Gly Thr Thr Ala Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val

1 5 10 15

Ala Ser Ala Ala Ser Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln

20 25 30

Leu Arg Pro Glu His Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser

35 40 45

Pro Pro Leu Ser Arg Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln

50 55 60

His Gly Pro Pro Phe Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser

65 70 75 80

Gln Glu Ala Thr Pro Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu

85 90 95

Pro Ala Glu Lys Glu Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro

100 105 110

Leu Gln Lys Glu Leu Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu

115 120 125

Gly Thr Pro Ala Pro Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser

130

135

140

Trp Asn Ala Ala Gln His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp

145

150

155

160

Gly His Arg Leu Asp Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn

165

170

175

Leu Asn Gln Ile Cys Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro

180

185

190

Trp Asn Leu Pro Gln Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu

195

200

205

Thr Leu Asn Phe Leu Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg

210

215

220

Ser His Thr Asn Arg Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala

225

230

235

240

Met Ser Arg Phe Cys Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His

245

250

255

Trp Cys Cys Thr Arg Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu

260

265

270

Glu Ala Pro Gln Pro His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln

275

280

285

Pro Asp Ile Ser Ser Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro
290 295 300

Thr Leu Asp Asn Ile Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser
305 310 315 320

Val Pro Arg Asn Leu Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu
325 330 335

Ala Leu Ile Gln Leu Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly
340 345 350

Asn Asn His Thr Cys Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys
355 360 365

Tyr Cys Asp Arg Glu Tyr Ala Val Lys Thr His His His Leu Cys Cys
370 375 380

Arg His Pro Pro Ser Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala
385 390 395 400

Pro Tyr Pro Asn Tyr Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Ser Arg
405 410 415

Val Thr Pro Asn Leu Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu
420 425 430

Thr Lys His Lys His Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg
435 440 445

Cys Cys Asp Leu Pro Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu
450 455 460

Lys Leu Thr Phe Ile Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp
465 470 475 480

Arg Asp Pro Ala Leu Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val
485 490 495

Asn Cys Phe Asn Ile Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly
500 505 510

Asp Thr Glu Asn Ala Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly
515 520 525

Thr Asn Ile Ser Ser Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu
530 535 540

<210> 112

<211> 1810

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (102)..(1721)

<400> 112

aaccgtaaca gccaccagac aagcttcagt ggccggccct tcacatccag acttgccctga 60

gaggacccac ctctgagtgt ccagtgggtca gttgccccag g atg ggg acc aca gcc 116

Met Gly Thr Thr Ala

1

5

aga gca gcc ttg gtc ttg acc tat ttg gct gtt gct tct gct gcc tct 164

Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val Ala Ser Ala Ala Ser

10

15

20

gag gga ggc ttc acg gct aca gga cag agg cag ctg agg cca gag cac 212

Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln Leu Arg Pro Glu His

25

30

35

ttt caa gaa gtt ggc tac gca gct ccc ccc tcc cca ccc cta tcc cga 260

Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser Pro Pro Leu Ser Arg

40

45

50

agc ctc ccc atg gat cac cct gac tcc tct cag cat ggc cct ccc ttt 308

Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln His Gly Pro Pro Phe

55

60

65

gag gga cag agt caa gtg cag ccc cct ccc tct cag gag gcc acc cct 356

Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser Gln Glu Ala Thr Pro

70

75

80

85

ctc caa cag gaa aag ctg cta cct gcc caa ctc cct gct gaa aag gaa 404

Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu Pro Ala Glu Lys Glu

90

95

100

gtg ggt ccc cct ctc cct cag gaa gct gtc ccc ctc caa aaa gag ctg 452

Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro Leu Gln Lys Glu Leu

105

110

115

ccc tct ctc cag cac ccc aat gaa cag aag gaa gga acg cca gct cca 500

Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu Gly Thr Pro Ala Pro

120

125

130

ttt ggg gac cag agc cat cca gaa cct gag tcc tgg aat gca gcc cag 548

Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser Trp Asn Ala Ala Gln

135

140

145

cac tgc caa cag gac cgg tcc caa ggg ggc tgg ggc cac cgg ctg gat 596

His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp Gly His Arg Leu Asp

150

155

160

165

ggc ttc ccc cct ggg cgg cct tct cca gac aat ctg aac caa atc tgc 644

Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn Leu Asn Gln Ile Cys

170

175

180

ctt cct aac cgt cag cat gtg gta tat ggt ccc tgg aac cta cca cag 692

Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro Trp Asn Leu Pro Gln

185

190

195

tcc agc tac tcc cac ctc act cgc cag ggt gag acc ctc aat ttc ctg 740

Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu Thr Leu Asn Phe Leu

200

205

210

gag att gga tat tcc cgc tgc tgc cac tgc cgc agc cac aca aac cgc 788
 Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg Ser His Thr Asn Arg
 215 220 225

cta gag tgt gcc aaa ctt gtg tgg gag gaa gca atg agc cga ttc tgt 836
 Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala Met Ser Arg Phe Cys
 230 235 240 245

gag gcc gag ttc tcg gtc aag acc cga ccc cac tgg tgc tgc acg cgg 884
 Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His Trp Cys Cys Thr Arg
 250 255 260

cag ggg gag gct cgg ttc tcc tgc ttc cag gag gaa gct ccc cag cca 932
 Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu Glu Ala Pro Gln Pro
 265 270 275

cac tac cag ctc cgg gcc tgc ccc agc cat cag cct gat att tcc tcg 980
 His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln Pro Asp Ile Ser Ser
 280 285 290

ggt ctt gag ctg cct ttc cct cct ggg gtg ccc aca ttg gac aat atc 1028
 Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro Thr Leu Asp Asn Ile
 295 300 305

aag aac atc tgc cac ctg agg cgc ttc cgc tct gtg cca cgc aac ctg 1076
 Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser Val Pro Arg Asn Leu
 310 315 320 325

cca gct act gac ccc cta caa agg gag ctg ctg gca ctg atc cag ctg 1124

Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu Ala Leu Ile Gln Leu

330

335

340

gag agg gag ttc cag cgc tgc tgc cgc cag ggg aac aat cac acc tgt 1172

Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly Asn Asn His Thr Cys

345

350

355

aca tgg aag gcc tgg gag gat acc ctt gac aaa tac tgt gac cgg gag 1220

Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys Tyr Cys Asp Arg Glu

360

365

370

tat gct gtg aag acc cac cac cac ttg tgt tgc cgc cac cct ccc agc 1268

Tyr Ala Val Lys Thr His His His Leu Cys Cys Arg His Pro Pro Ser

375

380

385

cct act cgg gat gag tgc ttt gcc cgt cgg gct cct tac ccc aac tat 1316

Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala Pro Tyr Pro Asn Tyr

390

395

400

405

gac cgg gac atc ttg acc att gac atc agt cga gtc acc ccc aac ctc 1364

Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Ser Arg Val Thr Pro Asn Leu

410

415

420

atg ggc cac ctc tgt gga aac caa aga gtt ctc acc aag cat aaa cat 1412

Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu Thr Lys His Lys His

425

430

435

att cct ggg ctg atc cac aac atg act gcc cgc tgc tgt gac ctg cca 1460

Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg Cys Cys Asp Leu Pro

440

445

450

ttt cca gaa cag gcc tgc tgt gca gag gag gag aaa tta acc ttc atc 1508

Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu Lys Leu Thr Phe Ile

455

460

465

aat gat ctg tgt ggt ccc cga cgt aac atc tgg cga gac cct gcc ctc 1556

Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp Arg Asp Pro Ala Leu

470

475

480

485

tgc tgt tac ctg agt cct ggg gat gaa cag gtc aac tgc ttc aac atc 1604

Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val Asn Cys Phe Asn Ile

490

495

500

aat tat ctg agg aac gtg gct cta gtg tct gga gac act gag aac gcc 1652

Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly Asp Thr Glu Asn Ala

505

510

515

aag ggc cag ggg gag cag ggc tca act gga gga aca aat atc agc tcc 1700

Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly Thr Asn Ile Ser Ser

520

525

530

acc tct gag ccc aag gaa gaa tgagtcaccc cagagcccta gagggtcaga 1751

Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu

535

540

tggggggaac cccaccctgc cccaccctgc tgaacactca ttacactaaa cacctcttg 1810

<210> 113

<211> 382

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 113

Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu Asp Lys Val Gln Ala

1 5 10 15

Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser Val Leu Phe Ile Phe

20 25 30

Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser Ala Trp Gly Asp Glu

35 40 45

Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro Gly Cys Glu Asn Val

50 55 60

Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val Arg Phe Trp Val Leu

65 70 75 80

Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu Tyr Leu Ala His Val

85 90 95

Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn Lys Lys Glu Glu Glu

100 105 110

Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val Asp Met His Leu Lys

115

120

125

Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile Glu Glu His Gly Lys

130

135

140

Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr Ile Ile Ser Ile Leu

145

150

155

160

Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu Ile Gln Trp Tyr Ile

165

170

175

Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys Lys Arg Asp Pro Cys

180

185

190

Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro Thr Glu Lys Thr Ile

195

200

205

Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val Ser Leu Ala Leu Asn

210

215

220

Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly Val Lys Asp Arg Val

225

230

235

240

Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser Gly Ala Leu Ser Pro

245

250

255

Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr Phe Asn Gly Cys Ser

260

265

270

Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro Pro Gly Tyr Lys Leu
275 280 285

Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg Asn Tyr Asn Lys Gln
290 295 300

Ala Ser Glu Gln Thr Trp Ala Asn Tyr Ser Ala Glu Gln Asn Arg Met
305 310 315 320

Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His Ala Gln Pro Phe Asp
325 330 335

Phe Pro Asp Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu Ala Ala Gly His Glu
340 345 350

Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro Ser Ser Arg Ala Ser
355 360 365

Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp Leu Glu Ile
370 375 380

<210> 114

<211> 3074

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (201)..(1346)

<400> 114

aactttttacg aggtatcagc actttttcttt cattaggggg aaggcgtgag gaaagtacca 60

aacagcagcg gagtttttaa ctttaaatac acaggtctga gtgcctgaac ttgccttttc 120

attttacttc atcctccaag gagttcaatc acttggcgtg acttcactac ttttaagcaa 180

aagagtgggtg cccaggcaac atg ggt gac tgg agc gcc tta ggc aaa ctc ctt 233

Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu

1

5

10

gac aag gtt caa gcc tac tca act gct gga ggg aag gtg tgg ctg tca 281

Asp Lys Val Gln Ala Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser

15

20

25

gta ctt ttc att ttc cga atc ctg ctg ctg ggg aca gcg gtt gag tca 329

Val Leu Phe Ile Phe Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser

30

35

40

gcc tgg gga gat gag cag tct gcc ttt cgt tgt aac act cag caa cct 377

Ala Trp Gly Asp Glu Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro

45

50

55

ggt tgt gaa aat gtc tgc tat gac aag tct ttc cca atc tct cat gtg 425

Gly Cys Glu Asn Val Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val

60

65

70

75

cgc ttc tgg gtc ctg cag atc ata ttt gtg tct gta ccc aca ctc ttg 473
 Arg Phe Trp Val Leu Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu

80

85

90

tac ctg gct cat gtg ttc tat gtg atg cga aag gaa gag aaa ctg aac 521
 Tyr Leu Ala His Val Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn

95

100

105

aag aaa gag gaa gaa ctc aag gtt gcc caa act gat ggt gtc aat gtg 569
 Lys Lys Glu Glu Glu Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val

110

115

120

gac atg cac ttg aag cag att gag ata aag aag ttc aag tac ggt att 617
 Asp Met His Leu Lys Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile

125

130

135

gaa gag cat ggt aag gtg aaa atg cga ggg ggg ttg ctg cga acc tac 665
 Glu Glu His Gly Lys Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr

140

145

150

155

atc atc agt atc ctc ttc aag tct atc ttt gag gtg gcc ttc ttg ctg 713
 Ile Ile Ser Ile Leu Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu

160

165

170

atc cag tgg tac atc tat gga ttc agc ttg agt gct gtt tac act tgc 761
 Ile Gln Trp Tyr Ile Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys

175

180

185

aaa aga gat ccc tgc cca cat cag gtg gac tgt ttc ctc tct cgc ccc 809

Lys Arg Asp Pro Cys Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro

190

195

200

acg gag aaa acc atc ttc atc atc ttc atg ctg gtg gtg tcc ttg gtg 857

Thr Glu Lys Thr Ile Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val

205

210

215

tcc ctg gcc ttg aat atc att gaa ctc ttc tat gtt ttc ttc aag ggc 905

Ser Leu Ala Leu Asn Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly

220

225

230

235

gtt aag gat cgg gtt aag gga aag agc gac cct tac cat gcg acc agt 953

Val Lys Asp Arg Val Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser

240

245

250

ggc gcg ctg agc cct gcc aaa gac tgt ggg tct caa aaa tat gct tat 1001

Gly Ala Leu Ser Pro Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr

255

260

265

ttc aat ggc tgc tcc tca cca acc gct ccc ctc tcg cct atg tct cct 1049

Phe Asn Gly Cys Ser Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro

270

275

280

cct ggc tac aag ctg gtt act ggc gac aga aac aat tct tct tgc cgc 1097

Pro Gly Tyr Lys Leu Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg

285

290

295

aat tac aac aag caa gca agt gag caa acc tgg gct aat tac agt gca 1145

Asn Tyr Asn Lys Gln Ala Ser Glu Gln Thr Trp Ala Asn Tyr Ser Ala

300	305	310	315	
gaa caa aat cga atg ggg cag gcg gga agc acc atc tct aac tcc cat				1193
Glu Gln Asn Arg Met Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His				
	320	325	330	
gca cag cct ttt gat ttc ccc gat gat aac cag aat tct aaa aaa cta				1241
Ala Gln Pro Phe Asp Phe Pro Asp Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu				
	335	340	345	
gct gct gga cat gaa tta cag cca cta gcc att gtg gac cag cga cct				1289
Ala Ala Gly His Glu Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro				
	350	355	360	
tca agc aga gcc agc agt cgt gcc agc agc aga cct cgg cct gat gac				1337
Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp				
	365	370	375	
ctg gag atc tagatacagg cttgaaagca tcaagattcc actcaattgt				1386
Leu Glu Ile				
380				
ggagaagaaa aaaggtgctg tagaaagtgc accaggtggt aattttgatc cgggtggaggt				1446
ggtactcaac agccttattc atgaggctta gaaaacacaa agacattaga atacctaggt				1506
tcactggggg tgtatggggt agatgggtgg agagggaggg gataagagag gtgcatgttg				1566
gtatttaaag tagtggattc aaagaactta gattataaat aagagttcca ttaggtgata				1626

catagataag ggctttttct ccccgcaaac acccctaaga atggttctgt gtatgtgaat 1686

gagcgggtgg taattgtggc taaatatttt tgttttacca agaaactgaa ataattctgg 1746

ccaggaataa atacttcctg aacatcttag gtcttttcaa caagaaaaag acagaggatt 1806

gtccttaagt ccctgctaaa acattccatt gttaaaattt gcactttgaa ggtaagcttt 1866

ctaggcctga ccctccaggt gtcaatggac ttgtgctact atattttttt attcttggtg 1926

tcagtttaaa attcagacaa ggcccacaga ataagatttt ccatgcattt gcaaatacgt 1986

atattctttt tccatccact tgcacaatat cattaccatc actttttcat cattcctcag 2046

ctactactca cattcattta atggtttctg taaacatttt taagacagtt gggatgtcac 2106

ttaacatttt ttttttgagc taaagtcagg gaatcaagcc atgcttaata tttacaatc 2166

acttatatgt gtgtcgaaga gtttgttttg tttgtcatgt attggtacaa gcagatacag 2226

tataaactca caaacacaga tttgaaaata atgcacatat ggtgttcaaa tttgaacctt 2286

tctcatggat ttttgtggtg tgggccaata tgggtgttac attatataat tcctgctgtg 2346

gcaagtaaag cacacttttt tttctccta aaatgttttt ccctgtgtat cctattatgg 2406

atactggttt tgtaaattat gattctttat tttctctcct ttttttagga tatagcagta 2466

atgctattac tgaaatgaat ttcctttttc tgaaatgtaa tcattgatgc ttgaatgata 2526

gaatttttagt actgtaaaca ggcttttagtc attaatgtga gagacttaga aaaaaatgct 2586

tagagtggac tattaaatgt gcctaaatga attttgcagt aactggtatt cttgggtttt 2646

cctacttaat acacagtaat tcagaacttg tattctatta tgagtttagc agtcttttgg 2706

agtgaccagc aactttgatg ttgcaactaa gattttatgt ggaatgcaag agaggttgaa 2766

agaggattca gtagtacaca tacaactaat ttatttgaac tatatgttga agacatctac 2826

cagtttctcc aaatgccttt tttaaaactc atcacagaag attggtgaaa atgctgagta 2886

tgacactttt cttcttgcat gcatgtcagc tacataaaca gttttgtaca atgaaaatta 2946

ctaatttggt tgacattcca tgttaaacta cggtcatggt cagcttcatt gcatgtaatg 3006

tagacctagt ccatcagatc atgtgttctg gagagtgttc ttatttcaat aaagttttta 3066

tttagtat 3074

<210> 115

<211> 382

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 115

Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu Asp Lys Val Gln Ala
1 5 10 15

Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser Val Leu Phe Ile Phe
20 25 30

Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser Ala Trp Gly Asp Glu
35 40 45

Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro Gly Cys Glu Asn Val
50 55 60

Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val Arg Phe Trp Val Leu
65 70 75 80

Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu Tyr Leu Ala His Val
85 90 95

Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn Lys Lys Glu Glu Glu
100 105 110

Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val Asp Met His Leu Lys
115 120 125

Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile Glu Glu His Gly Lys
130 135 140

Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr Ile Ile Ser Ile Leu
145 150 155 160

Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu Ile Gln Trp Tyr Ile
165 170 175

Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys Lys Arg Asp Pro Cys
180 185 190

Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro Thr Glu Lys Thr Ile
195 200 205

Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val Ser Leu Ala Leu Asn
210 215 220

Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly Val Lys Asp Arg Val
225 230 235 240

Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser Gly Ala Leu Ser Pro
245 250 255

Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr Phe Asn Gly Cys Ser
260 265 270

Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro Pro Gly Tyr Lys Leu
275 280 285

Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg Asn Tyr Asn Lys Gln
290 295 300

Ala Ser Glu Gln Asn Trp Ala Asn Tyr Ser Ala Glu Gln Asn Arg Met

305

310

315

320

Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His Ala Gln Pro Phe Asp

325

330

335

Phe Pro Asp Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu Ala Ala Gly His Glu

340

345

350

Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro Ser Ser Arg Ala Ser

355

360

365

Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp Leu Glu Ile

370

375

380

<210> 116

<211> 3074

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (201)..(1346)

<400> 116

aacttttacg aggtatcagc acttttcttt cattaggggg aaggcgtgag gaaagtacca 60

aacagcagcg gagttttaaa ctttaaatac acaggtctga gtgcctgaac ttgccttttc 120

attttacttc atcctccaag gagttcaatc acttggcgtg acttcactac ttttaagcaa 180

aagagtgggtg cccaggcaac atg ggt gac tgg agc gcc tta ggc aaa ctc ctt 233

Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu

1

5

10

gac aag gtt caa gcc tac tca act gct gga ggg aag gtg tgg ctg tca 281

Asp Lys Val Gln Ala Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser

15

20

25

gta ctt ttc att ttc cga atc ctg ctg ctg ggg aca gcg gtt gag tca 329

Val Leu Phe Ile Phe Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser

30

35

40

gcc tgg gga gat gag cag tct gcc ttt cgt tgt aac act cag caa cct 377

Ala Trp Gly Asp Glu Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro

45

50

55

ggt tgt gaa aat gtc tgc tat gac aag tct ttc cca atc tct cat gtg 425

Gly Cys Glu Asn Val Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val

60

65

70

75

cgc ttc tgg gtc ctg cag atc ata ttt gtg tct gta ccc aca ctc ttg 473

Arg Phe Trp Val Leu Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu

80

85

90

tac ctg gct cat gtg ttc tat gtg atg cga aag gaa gag aaa ctg aac 521

Tyr Leu Ala His Val Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn

95

100

105

aag aaa gag gaa gaa ctc aag gtt gcc caa act gat ggt gtc aat gtg 569
 Lys Lys Glu Glu Glu Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val

110

115

120

gac atg cac ttg aag cag att gag ata aag aag ttc aag tac ggt att 617
 Asp Met His Leu Lys Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile

125

130

135

gaa gag cat ggt aag gtg aaa atg cga ggg ggg ttg ctg cga acc tac 665
 Glu Glu His Gly Lys Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr

140

145

150

155

atc atc agt atc ctc ttc aag tct atc ttt gag gtg gcc ttc ttg ctg 713
 Ile Ile Ser Ile Leu Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu

160

165

170

atc cag tgg tac atc tat gga ttc agc ttg agt gct gtt tac act tgc 761
 Ile Gln Trp Tyr Ile Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys

175

180

185

aaa aga gat ccc tgc cca cat cag gtg gac tgt ttc ctc tct cgc ccc 809
 Lys Arg Asp Pro Cys Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro

190

195

200

acg gag aaa acc atc ttc atc atc ttc atg ctg gtg gtg tcc ttg gtg 857
 Thr Glu Lys Thr Ile Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val

205

210

215

tcc ctg gcc ttg aat atc att gaa ctc ttc tat gtt ttc ttc aag ggc 905
 Ser Leu Ala Leu Asn Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly
 220 225 230 235

gtt aag gat cgg gtt aag gga aag agc gac cct tac cat gcg acc agt 953
 Val Lys Asp Arg Val Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser
 240 245 250

ggt gcg ctg agc cct gcc aaa gac tgt ggg tct caa aaa tat gct tat 1001
 Gly Ala Leu Ser Pro Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr
 255 260 265

ttc aat ggc tgc tcc tca cca acc gct ccc ctc tgc cct atg tct cct 1049
 Phe Asn Gly Cys Ser Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro
 270 275 280

cct ggg tac aag ctg gtt act ggc gac aga aac aat tct tct tgc cgc 1097
 Pro Gly Tyr Lys Leu Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg
 285 290 295

aat tac aac aag caa gca agt gag caa aac tgg gct aat tac agt gca 1145
 Asn Tyr Asn Lys Gln Ala Ser Glu Gln Asn Trp Ala Asn Tyr Ser Ala
 300 305 310 315

gaa caa aat cga atg ggg cag gcg gga agc acc atc tct aac tcc cat 1193
 Glu Gln Asn Arg Met Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His
 320 325 330

gca cag cct ttt gat ttc ccc gat gat aac cag aat tct aaa aaa cta 1241

Ala Gln Pro Phe Asp Phe Pro Asp Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu

335

340

345

gct gct gga cat gaa tta cag cca cta gcc att gtg gac cag cga cct 1289

Ala Ala Gly His Glu Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro

350

355

360

tca agc aga gcc agc agt cgt gcc agc agc aga cct cgg cct gat gac 1337

Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp

365

370

375

ctg gag atc tagatacagg ctgaaagca tcaagattcc actcaattgt 1386

Leu Glu Ile

380

ggagaagaaa aaaggtgctg tagaaagtgc accaggtgtt aattttgatc cgggtggaggt 1446

ggtactcaac agccttattc atgaggctta gaaaacacaa agacattaga atacctaggt 1506

tcactggggg tgtatggggt agatgggtgg agagggaggg gataagagag gtgcatgttg 1566

gtatttaaag tagtggattc aaagaactta gattataaat aagagttcca ttaggtgata 1626

catagataag ggctttttct ccccgcaaac acccctaaga atggttctgt gtatgtgaat 1686

gagcgggtgg taattgtggc taaatatttt tgttttacca agaaactgaa ataattctgg 1746

ccaggaataa atacttcctg aacatcttag gtcttttcaa caagaaaaag acagaggatt 1806

gtccttaagt ccctgctaaa acattccatt gttaaaatit gcactttgaa ggtaagcttt 1866

ctaggcctga ccctccaggt gtcaatggac ttgtgctact atattttttt attcttggtta 1926

tcagttttaa attcagacaa ggcccacaga ataagatttt ccatgcattt gcaaatacgt 1986

atattctttt tccatccact tgcacaatat cattaccatc actttttcat cattcctcag 2046

ctactactca cattcattta atggtttctg taaacatttt taagacagtt gggatgtcac 2106

ttaacatttt tttttgagc taaagtcagg gaatcaagcc atgcttaata tttacaatc 2166

acttatatgt gtgtcgaaga gtttgttttg ttgttcatgt attggtacaa gcagatacag 2226

tataaactca caaacacaga ttgaaaata atgcacatat ggtgttcaaa ttgaacctt 2286

tctcatggat ttttggtgtg tgggccaata tgggttttac attatataat tctgtctgtg 2346

gcaagtaaag cacacttttt tttctccta aaatgttttt ccctgtgtat cctattatgg 2406

atactggttt tgtaaattat gattctttat tttctcctt ttttttagga tatagcagta 2466

atgctattac tgaaatgaat ttcctttttc tgaaatgtaa tcattgatgc ttgaatgata 2526

gaattttagt actgtaaaca ggcttttagtc attaattgtga gagacttaga aaaaaatgct 2586

tagagtggac tattaaatgt gcctaaatga attttgcagt aactggtatt cttgggtttt 2646

cctacttaat acacagtaat tcagaacttg tattctatta tgagtttagc agtcttttgg 2706

agtgaccagc aactttgatg ttgcactaa gattttatit ggaatgcaag agaggttgaa 2766

agaggattca gtagtacaca tacaactaat ttatttgaac tatatgttga agacatctac 2826

cagtttctcc aaatgccttt tttaaaactc atcacagaag attggtgaaa atgctgagta 2886

tgacactttt cttcttgcac gcatgtcagc tacataaaca gttttgtaca atgaaaatta 2946

ctaatttggt tgacattcca tgttaaacta cggatcatgtt cagcttcatt gcatgtaatg 3006

tagacctagt ccatcagatc atgtgttctg gagagtgttc ttatttcaat aaagttttaa 3066

tttagtat 3074

<210> 117

<211> 398

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 117

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu Cys Ile Trp Met

1

5

10

15

Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Gly Val Arg Ala Glu Glu Ala Gly Ala

20

25

30

Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr Gly Asp Pro Gln

35

40

45

Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met Asp Pro Glu Ser

50

55

60

Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys Glu Lys Val Ser

65

70

75

80

Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu Ala Trp Asn Gly

85

90

95

Phe Val Ala Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala Asp Glu Leu Arg

100

105

110

Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met Lys Asp Lys Asn

115

120

125

Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe Leu Lys Glu Phe

130

135

140

Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg Arg Leu Arg Ala

145

150

155

160

Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr Thr Ile Ala Asn

165

170

175

Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile Leu Thr Leu Val

180

185

190

Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser Leu Val Leu Leu
195 200 205

Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu Thr Gly Ile Thr
210 215 220

Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr Gln Ala Gln Ala
225 230 235 240

His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys Glu Val Lys Glu
245 250 255

Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu Ala Gly Asn Thr
260 265 270

Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg Ala Leu Arg Arg
275 280 285

Ala Arg Ala Asn Leu Gln Ser Val Pro His Ala Ser Ala Ser Arg Pro
290 295 300

Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu Gln Val Glu Arg
305 310 315 320

Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly Val Lys Leu Thr
325 330 335

Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp Val Val Tyr Leu
340 345 350

Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys Ser Glu Thr Ala

355

360

365

Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Glu Lys Leu Asn Ile

370

375

380

Leu Asn Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln Glu Leu

385

390

395

<210> 118

<211> 2054

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (76)..(1269)

<400> 118

cacacagctc agaacagctg gatcttgctc agtctctgcc aggggaagat tccttgagg 60

aggccctgca gcgac atg gag gga gct gct ttg ctg aga gtc tct gtc ctc 111

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu

1

5

10

tgc atc tgg atg agt gca ctt ttc ctt ggt gtg gga gtg agg gca gag 159

Cys Ile Trp Met Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Gly Val Arg Ala Glu

15	20	25	
gaa gct gga gcg agg gtg caa caa aac gtt cca agt ggg aca gat act 207			
Glu Ala Gly Ala Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr			
30	35	40	
gga gat cct caa agt aag ccc ctc ggt gac tgg gct gct ggc acc atg 255			
Gly Asp Pro Gln Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met			
45	50	55	60
gac cca gag agc agt atc ttt att gag gat gcc att aag tat ttc aag 303			
Asp Pro Glu Ser Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys			
	65	70	75
gaa aaa gtg agc aca cag aat ctg cta ctc ctg ctg act gat aat gag 351			
Glu Lys Val Ser Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu			
	80	85	90
gcc tgg aac gga ttc gtg gct gct gct gaa ctg ccc agg aat gag gca 399			
Ala Trp Asn Gly Phe Val Ala Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala			
95	100	105	
gat gag ctc cgt aaa gct ctg gac aac ctt gca aga caa atg atc atg 447			
Asp Glu Leu Arg Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met			
110	115	120	
aaa gac aaa aac tgg cac gat aaa ggc cag cag tac aga aac tgg ttt 495			
Lys Asp Lys Asn Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe			
125	130	135	140

ctg aaa gag ttt cct cgg ttg aaa agt aag ctt gag gat aac ata aga 543
 Leu Lys Glu Phe Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg
 145 150 155

agg ctc cgt gcc ctt gca gat ggg gtt cag aag gtc cac aaa ggc acc 591
 Arg Leu Arg Ala Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr
 160 165 170

acc atc gcc aat gtg gtg tct ggc tct ctc agc att tcc tct ggc atc 639
 Thr Ile Ala Asn Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile
 175 180 185

ctg acc ctc gtc ggc atg ggt ctg gca ccc ttc aca gag gga ggc agc 687
 Leu Thr Leu Val Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser
 190 195 200

ctt gta ctc ttg gaa cct ggg atg gag ttg gga atc aca gca gct ttg 735
 Leu Val Leu Leu Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu
 205 210 215 220

acc ggg att acc agc agt acc ata gac tac gga aag aag tgg tgg aca 783
 Thr Gly Ile Thr Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr
 225 230 235

caa gcc caa gcc cac gac ctg gtc atc aaa agc ctt gac aaa ttg aag 831
 Gln Ala Gln Ala His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys
 240 245 250

gag gtg aag gag ttt ttg ggt gag aac ata tcc aac ttt ctt tcc tta 879

Glu Val Lys Glu Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu

255

260

265

gct ggc aat act tac caa ctc aca cga ggc att ggg aag gac atc cgt 927

Ala Gly Asn Thr Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg

270

275

280

gcc ctc aga cga gcc aga gcc aat ctt cag tca gta ccg cat gcc tca 975

Ala Leu Arg Arg Ala Arg Ala Asn Leu Gln Ser Val Pro His Ala Ser

285

290

295

300

gcc tca cgc ccc cgg gtc act gag cca atc tca gct gaa agc ggt gaa 1023

Ala Ser Arg Pro Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu

305

310

315

cag gtg gag aga gtt aat gaa ccc agc atc ctg gaa atg agc aga gga 1071

Gln Val Glu Arg Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly

320

325

330

gtc aag ctc acg gat gtg gcc cct gta agc ttc ttt ctt gtg ctg gat 1119

Val Lys Leu Thr Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp

335

340

345

gta gtc tac ctc gtg tac gaa tca aag cac tta cat gag ggg gca aag 1167

Val Val Tyr Leu Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys

350

355

360

tca gag aca gct gag gag ctg aag aag gtg gct cag gag ctg gag gag 1215

Ser Glu Thr Ala Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Glu
365 370 375 380

aag cta aac att ctc aac aat aat tat aag att ctg cag gcg gac caa 1263
Lys Leu Asn Ile Leu Asn Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln
385 390 395

gaa ctg tgaccacagg gcagggcagc caccaggaga gatatgcctg gcaggggcca 1319
Glu Leu

ggacaaaatg caaacttttt ttttttctga gacagagtct tgctctgtcg ccaagttgca 1379

gtgagccgag atatcgccac tgcactccag cctgggtgac agagcgagac tccatctcaa 1439

aaaaaaaaa aaaaagaata tattgacgga agaatagaga ggaggcttga aggaaccagc 1499

aatgagaagg ccaggaaaag aaagagctga aaatggagaa agcccaagag ttagaacagt 1559

tggatacagg agaagaaaca gcggctccac tacagaccca gccccagggt caatgtcctc 1619

cgaagaatga agtctttccc tggatgatgt cccctgcctt gtctttccag catccactct 1679

cccttgcct cctgggggca tatctcagtc aggcagcggc ttctgatga tggtcgttgg 1739

ggtggttgtc atgtgatggg tcccctccag gttactaaag ggtgcatgtc ccctgcttga 1799

acactgaagg gcaggtggtg agccatggcc atggtcccca gctgaggagc aggtgtccct 1859

gagaacccaa acttcccaga gagtatgtga gaaccaacca atgaaaacag tcccatcgct 1919

cttaccggt aagtaaagag tcagaaaatt agcatgaaag cagtttagca ttgggaggaa 1979

gctcagatct ctagagctgt cttgtccccg cccaggattg acctgtgtaa gtcccaataa 2039

actcacctac tcatc 2054

<210> 119

<211> 398

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 119

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu Cys Ile Trp Met

1 5 10 15

Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Arg Val Arg Ala Glu Glu Ala Gly Ala

20 25 30

Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr Gly Asp Pro Gln

35 40 45

Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met Asp Pro Glu Ser

50 55 60

Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys Glu Lys Val Ser

65 70 75 80

Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu Ala Trp Asn Gly
85 90 95

Phe Val Ala Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala Asp Glu Leu Arg
100 105 110

Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met Lys Asp Lys Asn
115 120 125

Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe Leu Lys Glu Phe
130 135 140

Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg Arg Leu Arg Ala
145 150 155 160

Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr Thr Ile Ala Asn
165 170 175

Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile Leu Thr Leu Val
180 185 190

Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser Leu Val Leu Leu
195 200 205

Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu Thr Gly Ile Thr
210 215 220

Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr Gln Ala Gln Ala
225 230 235 240

His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys Glu Val Lys Glu
245 250 255

Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu Ala Gly Asn Thr
260 265 270

Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg Ala Leu Arg Arg
275 280 285

Ala Arg Ala Asn Leu Gln Ser Val Pro His Ala Ser Ala Ser Arg Pro
290 295 300

Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu Gln Val Glu Arg
305 310 315 320

Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly Val Lys Leu Thr
325 330 335

Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp Val Val Tyr Leu
340 345 350

Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys Ser Glu Thr Ala
355 360 365

Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Glu Lys Leu Asn Ile
370 375 380

Leu Asn Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln Glu Leu

385

390

395

<210> 120

<211> 2054

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (76)..(1269)

<400> 120

cacacagctc agaacagctg gatcttgctc agtctctgcc aggggaagat tccttgagg 60

aggccctgca gcgac atg gag gga gct gct ttg ctg aga gtc tct gtc ctc 111

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu

1

5

10

tgc atc tgg atg agt gca ctt ttc ctt ggt gtg aga gtg agg gca gag 159

Cys Ile Trp Met Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Arg Val Arg Ala Glu

15

20

25

gaa gct gga gcg agg gtg caa caa aac gtt cca agt ggg aca gat act 207

Glu Ala Gly Ala Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr

30

35

40

gga gat cct caa agt aag ccc ctc ggt gac tgg gct gct ggc acc atg 255

Gly Asp Pro Gln Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met

45	50	55	60	
gac cca gag agc agt atc ttt att gag gat gcc att aag tat ttc aag				303
Asp Pro Glu Ser Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys				
	65	70	75	
gaa aaa gtg agc aca cag aat ctg cta ctc ctg ctg act gat aat gag				351
Glu Lys Val Ser Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu				
	80	85	90	
gcc tgg aac gga ttc gtg gct gct gct gaa ctg ccc agg aat gag gca				399
Ala Trp Asn Gly Phe Val Ala Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala				
	95	100	105	
gat gag ctc cgt aaa gct ctg gac aac ctt gca aga caa atg atc atg				447
Asp Glu Leu Arg Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met				
110	115	120		
aaa gac aaa aac tgg cac gat aaa ggc cag cag tac aga aac tgg ttt				495
Lys Asp Lys Asn Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe				
125	130	135	140	
ctg aaa gag ttt cct cgg ttg aaa agt aag ctt gag gat aac ata aga				543
Leu Lys Glu Phe Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg				
	145	150	155	
agg ctc cgt gcc ctt gca gat ggg gtt cag aag gtc cac aaa ggc acc				591
Arg Leu Arg Ala Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr				
160	165	170		

acc atc gcc aat gtg gtg tct ggc tct ctc agc att tcc tct ggc atc 639
Thr Ile Ala Asn Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile

175

180

185

ctg acc ctc gtc ggc atg ggt ctg gca ccc ttc aca gag gga ggc agc 687
Leu Thr Leu Val Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser

190

195

200

ctt gta ctc ttg gaa cct ggg atg gag ttg gga atc aca gca gct ttg 735
Leu Val Leu Leu Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu

205

210

215

220

acc ggg att acc agc agt acc ata gac tac gga aag aag tgg tgg aca 783
Thr Gly Ile Thr Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr

225

230

235

caa gcc caa gcc cac gac ctg gtc atc aaa agc ctt gac aaa ttg aag 831
Gln Ala Gln Ala His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys

240

245

250

gag gtg aag gag ttt ttg ggt gag aac ata tcc aac ttt ctt tcc tta 879
Glu Val Lys Glu Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu

255

260

265

gct ggc aat act tac caa ctc aca cga ggc att ggg aag gac atc cgt 927
Ala Gly Asn Thr Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg

270

275

280

285 290 295 300

Ala Ser Arg Pro Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu

Gln Val Glu Arg Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly

Val Lys Leu Thr Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp

Val Val Tyr Leu Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys

Ser Glu Thr Ala Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Glu

Lys Leu Asn Ile Leu Asn Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln

gaa ctg tgaccacagg gcagggcagc caccaggaga gatatgcctg gcagggggcca 1319

Glu Leu

ggacaaaatg caaacttttt ttttttctga gacagagtct tgctctgtcg ccaagttgca 1379

gtgagccgag atatcgccac tgcactccag cctgggtgac agagcgagac tccatctcaa 1439

aaaaaaaaa aaaaagaata tattgacgga agaatagaga ggaggcttga aggaaccagc 1499

aatgagaagg ccaggaaaag aaagagctga aaatggagaa agcccaagag ttagaacagt 1559

tggatacagg agaagaaaca gcggctccac tacagacca gccccaggtt caatgtcctc 1619

cgaagaatga agtctttccc tggatgatggc cccctgccct gtctttccag catccactct 1679

cccttgctct cctgggggca tatctcagtc aggcagcggc ttcctgatga tggtcgttgg 1739

ggtggttgtc atgtgatggg tccccccag gttactaaag ggtgcatgtc ccctgcttga 1799

acactgaagg gcaggtggtg agccatggcc atggtcccca gctgaggagc aggtgtccct 1859

gagaacccaa acttcccaga gagtatgtga gaaccaacca atgaaaacag tcccatcgct 1919

cttaccgggt aagtaaacag tcagaaaatt agcatgaaag cagtttagca ttgggaggaa 1979

gctcagatct ctagagctgt cttgtccccg cccaggattg acctgtgtaa gtcccaataa 2039

actcacctac tcatac 2054

<210> 121

<211> 108

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 121

Met Gly Val Gln Val Glu Thr Ile Ser Pro Gly Asp Gly Arg Thr Phe

1

5

10

15

Pro Lys Arg Gly Gln Thr Cys Val Val His Tyr Thr Gly Met Leu Glu

20

25

30

Asp Gly Lys Lys Phe Asp Ser Ser Arg Asp Arg Asn Lys Pro Phe Lys

35

40

45

Phe Met Leu Gly Lys Gln Glu Val Ile Arg Gly Trp Glu Glu Gly Val

50

55

60

Ala Gln Met Ser Val Gly Gln Arg Ala Lys Leu Thr Ile Ser Pro Asp

65

70

75

80

Tyr Ala Tyr Gly Ala Thr Gly His Pro Gly Ile Ile Pro Pro His Ala

85

90

95

Thr Leu Val Phe Asp Val Glu Leu Leu Lys Leu Glu

100

105

<210> 122

<211> 1546

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (89)..(412)

<400> 122

actaggcaga gccgtggaac cgccgccagg tcgctgttgg tccacgccgc ccgtcgcgcc 60

gcccgcgccgc tcagcgccgc ccgccgcc atg gga gtg cag gtg gaa acc atc 112

Met Gly Val Gln Val Glu Thr Ile

1

5

tcc cca gga gac ggg cgc acc ttc ccc aag cgc ggc cag acc tgc gtg 160

Ser Pro Gly Asp Gly Arg Thr Phe Pro Lys Arg Gly Gln Thr Cys Val

10

15

20

gtg cac tac acc ggg atg ctt gaa gat gga aag aaa ttt gat tcc tcc 208

Val His Tyr Thr Gly Met Leu Glu Asp Gly Lys Lys Phe Asp Ser Ser

25

30

35

40

cgg gac aga aac aag ccc ttt aag ttt atg cta ggc aag cag gag gtg 256

Arg Asp Arg Asn Lys Pro Phe Lys Phe Met Leu Gly Lys Gln Glu Val

45

50

55

atc cga ggc tgg gaa gaa ggg gtt gcc cag atg agt gtg ggt cag aga 304

Ile Arg Gly Trp Glu Glu Gly Val Ala Gln Met Ser Val Gly Gln Arg

60

65

70

gcc aaa ctg act ata tct cca gat tat gcc tat ggt gcc act ggg cac 352

Ala Lys Leu Thr Ile Ser Pro Asp Tyr Ala Tyr Gly Ala Thr Gly His

75

80

85

cca ggc atc atc cca cca cat gcc act ctc gtc ttc gat gtg gag ctt 400

Pro Gly Ile Ile Pro Pro His Ala Thr Leu Val Phe Asp Val Glu Leu

90

95

100

cta aaa ctg gaa tgacaggaat ggctctctcc cttagctccc tgttcttgga 452

Leu Lys Leu Glu

105

tctgccatgg agggatctgg tgccctcaga catgtgcaca tgaatccata tggagctttt 512

cctgatgttc cactccactt tgtatagaca tctgccctga ctgaatgtgt tctgtcactc 572

agctttgctt ccgacacctc tgtttcctct tcccccttct cctcgtatgt gtgtttacct 632

aaactatatg ccataaacct caagttactc attttatattt gttttcattt tgggggtgaag 692

attcagtttc agtcttttgg atataggttt ccaattaagt acatggtcaa gtattaacag 752

cacaagtggg aggttaacat tagaatagga attgggtgtg gggggggggg ttgcaagaat 812

attttatattt aattttttgg atgaaatttt tatctattat atattaacaa ttcttgctgc 872

tgcgctgcaa agccatagca gatttgaggc gctgttgagg actgaattac tctccaagtt 932

gagagatgtc tttgggttaa attaaaagcc ctacctaaaa ctgaggtggg gatggggaga 992

gcctttgcct ccaccattcc caccaccct ccccttaaac cctctgcctt tgaaagtaga 1052

tcatgttcac tgcaatgctg gacactacag gtatctgtcc ctgggccagc agggacctct 1112

gaagccttct ttgtggcctt ttttttttt tcatcctgtg gtttttctaa tggactttca 1172

ggaattttgt aatctcataa cttccaagc tccaccactt cctaaatctt aagaacttta 1232

attgacagtt tcaattgaag gtgctgtttg tagacttaac acccagtga agcccagcca 1292

tcatgacaaa tccttgaatg ttctcttaag aaaatgatgc tggtcacgc agcttcagca 1352

tctcctgttt ttgatgctt ggctccctct gctgatctca gtttcctggc ttttcctccc 1412

tcagccctt ctcaccctt tgctgtcctg tgtagtgatt tggtagagaaa tcgttgctgc 1472

acccttcccc cagcaccatt tatgagtctc aagttttatt attgcaataa aagtgcctta 1532

tgccggcttt tctc 1546

<210> 123

<211> 679

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 123

Met Ala Thr Leu Ile Thr Ser Thr Thr Ala Ala Thr Ala Ala Ser Gly

1

5

10

15

Pro Leu Val Asp Tyr Leu Trp Met Leu Ile Leu Gly Phe Ile Ile Ala

20

25

30

Phe Val Leu Ala Phe Ser Val Gly Ala Asn Asp Val Ala Asn Ser Phe

35

40

45

Gly Thr Ala Val Gly Ser Gly Val Val Thr Leu Lys Gln Ala Cys Ile

50

55

60

Leu Ala Ser Ile Phe Glu Thr Val Gly Ser Val Leu Leu Gly Ala Lys

65

70

75

80

Val Ser Glu Thr Ile Arg Lys Gly Leu Ile Asp Val Glu Met Tyr Asn

85

90

95

Ser Thr Gln Gly Leu Leu Met Ala Gly Ser Val Ser Ala Met Phe Gly

100

105

110

Ser Ala Val Trp Gln Leu Val Ala Ser Phe Leu Lys Leu Pro Ile Ser

115

120

125

Gly Thr His Cys Ile Val Gly Ala Thr Ile Gly Phe Ser Leu Val Ala

130

135

140

Lys Gly Gln Glu Gly Val Lys Trp Ser Glu Leu Ile Lys Ile Val Met

145 150 155 160

Ser Trp Phe Val Ser Pro Leu Leu Ser Gly Ile Met Ser Gly Ile Leu

165 170 175

Phe Phe Leu Val Arg Ala Phe Ile Leu His Lys Ala Asp Pro Val Pro

180 185 190

Asn Gly Leu Arg Ala Leu Pro Val Phe Tyr Ala Cys Thr Val Gly Ile

195 200 205

Asn Leu Phe Ser Ile Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Leu Gly Phe Asp

210 215 220

Lys Leu Pro Leu Trp Gly Thr Ile Leu Ile Ser Val Gly Cys Ala Val

225 230 235 240

Phe Cys Ala Leu Ile Val Trp Phe Phe Val Cys Pro Arg Met Lys Arg

245 250 255

Lys Ile Glu Arg Glu Ile Lys Cys Ser Pro Ser Glu Ser Pro Leu Met

260 265 270

Glu Lys Lys Asn Ser Leu Lys Glu Asp His Glu Glu Thr Lys Leu Ser

275 280 285

Val Gly Asp Ile Glu Asn Lys His Pro Val Ser Glu Val Gly Pro Ala

290 295 300

Thr Val Pro Leu Gln Ala Val Val Glu Glu Arg Thr Val Ser Phe Lys
305 310 315 320

Leu Gly Asp Leu Glu Glu Ala Pro Glu Arg Glu Arg Leu Pro Ser Val
325 330 335

Asp Leu Lys Glu Glu Thr Ser Ile Asp Ser Thr Val Asn Gly Ala Val
340 345 350

Gln Leu Pro Asn Gly Asn Leu Val Gln Phe Ser Gln Ala Val Ser Asn
355 360 365

Gln Ile Asn Ser Ser Gly His Tyr Gln Tyr His Thr Val His Lys Asp
370 375 380

Ser Gly Leu Tyr Lys Glu Leu Leu His Lys Leu His Leu Ala Lys Val
385 390 395 400

Gly Asp Cys Met Gly Asp Ser Gly Asp Lys Pro Leu Arg Arg Asn Asn
405 410 415

Ser Tyr Thr Ser Tyr Thr Met Ala Ile Cys Gly Met Pro Leu Asp Ser
420 425 430

Phe Arg Ala Lys Glu Gly Glu Gln Lys Gly Glu Glu Met Glu Lys Leu
435 440 445

Thr Trp Pro Asn Ala Asp Ser Lys Lys Arg Ile Arg Met Asp Ser Tyr
450 455 460

Thr Ser Tyr Cys Asn Ala Val Ser Asp Leu His Ser Ala Ser Glu Ile
465 470 475 480

Asp Met Ser Val Lys Ala Glu Met Gly Leu Gly Asp Arg Lys Gly Ser
485 490 495

Asn Gly Ser Leu Glu Glu Trp Tyr Asp Gln Asp Lys Pro Glu Val Ser
500 505 510

Leu Leu Phe Gln Phe Leu Gln Ile Leu Thr Ala Cys Phe Gly Ser Phe
515 520 525

Ala His Gly Gly Asn Asp Val Ser Asn Ala Ile Gly Pro Leu Val Ala
530 535 540

Leu Tyr Leu Val Tyr Asp Thr Gly Asp Val Ser Ser Lys Val Ala Thr
545 550 555 560

Pro Ile Trp Leu Leu Leu Tyr Gly Gly Val Gly Ile Cys Val Gly Leu
565 570 575

Trp Val Trp Gly Arg Arg Val Ile Gln Thr Met Gly Lys Asp Leu Thr
580 585 590

Pro Ile Thr Pro Ser Ser Gly Phe Ser Ile Glu Leu Ala Ser Ala Leu
595 600 605

Thr Val Val Ile Ala Ser Asn Ile Gly Leu Pro Ile Ser Thr Thr His

610

615

620

Cys Lys Val Gly Ser Val Val Ser Val Gly Trp Leu Arg Ser Lys Lys

625

630

635

640

Ala Val Asp Trp Arg Leu Phe Arg Asn Ile Phe Met Ala Trp Phe Val

645

650

655

Thr Val Pro Ile Ser Gly Val Ile Ser Ala Ala Ile Met Ala Ile Phe

660

665

670

Arg Tyr Val Ile Leu Arg Met

675

<210> 124

<211> 2916

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (81)..(2117)

<400> 124

tttttgatac ctcattttct gtttacacat cttgaaaggc gctcagtagt tctcttacta 60

aacaaccact actccagaga atg gca acg ctg att acc agt act aca gct gct 113

Met Ala Thr Leu Ile Thr Ser Thr Thr Ala Ala